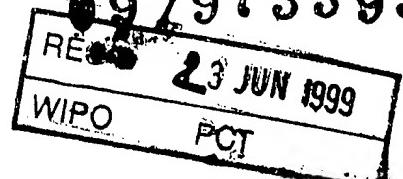


BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND

094973395


**PRIORITY
DOCUMENT**

 SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

Bescheinigung

D 99/1174

Die metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH in Berlin/Deutschland hat
eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor"

am 17. April 1998 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Das angeheftete Stück ist eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlage dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 07 K, A 61 K und C 07 H der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 21. Mai 1999

Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag

Keller

Patentzeichen: 198 17 948.0

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor

- Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
- Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.
- 10 Eine Krebstodesursachen bei Frauen ist der Endometriumtumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.
- 25 Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 30 35 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.
- 40 45 50

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Endometriumtumor eine Rolle spielen.

- 5 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-126.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- 10 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-126.

- 15 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

25 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-126 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

30 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141, die im Endometriumtumor erhöht exprimiert sind.

35 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-126 hybridisieren.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

40 Mit den erfindungsgemäßen Teilesequenzen Seq. ID Nos. 1-126 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionssketten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

15 Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

30 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

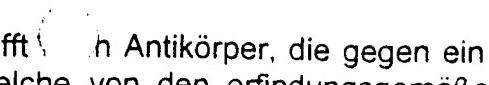
Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

40 Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

45 Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos 142-528.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID Nos. 142-528 aufweisen.

Die Erfindung betrifft  h Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 141 kodiert werden.

5 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

10 Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 142-528 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriatumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

15 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriatumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 142-528 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Uterustumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Uterustumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 142-528 enthalten.

25 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

30 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-141 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

45 Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

- 5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der folgenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- 10 ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- 15 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
- maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

- 30 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- 35 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- 40 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- 45 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusgewebe ESTs.

30

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

45

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

15

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

20

25

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 136 gefunden, die 15,6 .x stärker im Endometriumtumor als im Normalgewebe vorkommt.

30

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 136

40

45

50

55

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
Brust	0.0102	0.0038	2.7221 0.3674
Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
Eierstock	0.0090	0.0078	1.1513 0.8686
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0150	0.0000 undef
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199 0.5209
Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059 9.4460
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
Herz	0.0000	0.0000	undef undef
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
Lunge	0.0114	0.0041	2.7942 0.3579
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
Muskel-Skelett	0.0103	0.0120	0.8567 1.1673
Niere	0.0081	0.0000	undef 0.0000
Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
Prostata	0.0000	0.0064	0.0000 undef
Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef

Uterus_allgen 0.0000 0.0000 under def
 Brust-Hyperplasie 0.0000
 Prostata-Hyperplasie 0.0030
 Samenblase 0.0000
 5 Sinnesorgane 0.0000
 Weisse_Blutkoerperchen 0.0104
 Zervix 0.0000

10 FOETUS
 %Haeufigkeit
 Entwicklung 0.0139
 Gastrointestinal 0.0056
 Gehirn 0.0000
 15 Haematopoetisch 0.0079
 Haut 0.0000
 Hepatisch 0.0000
 Herz-Blutgefaesse 0.0142
 Lunge 0.0108
 20 Nebenniere 0.0254
 Niere 0.0000
 Placenta 0.0061
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0126

25
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
 %Haeufigkeit
 Brust 0.0068
 30 Eierstock_n 0.0000
 Eierstock_t 0.0000
 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Foetal 0.0076
 Gastrointestinal 0.0000
 35 Haematopoetisch 0.0171
 Haut-Muskel 0.0000
 Hoden 0.0000
 Lunge 0.0164
 Nerven 0.0060
 40 Prostata 0.0068
 Sinnesorgane 0.0000
 Uterus_n 0.0125

45 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0104	0.2878 3.4745
55	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0030	0.0031	0.9599 1.0417
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
60	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0031	0.0000	undef 0.0000
65	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
70	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211

	Uterus_My _o rrium	0.0000	0.0000	undefined
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undefined undefined
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
5	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
10				
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
15	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
20	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
25	Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
30	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0035		
35	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0077		
	Lunge	0.0000		
40	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0077		
	Uterus_p	0.0042		

Elektronischer Nord C n für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.3166	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Nern für SEQ. ID. NO: 3

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0078	0.0281	0.2774 3.6055
		Brust 0.0090	0.0188	0.4764 2.0992
		Duenn darm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0176	0.4852 2.0611
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn	0.0118	0.0123	0.9599 1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562 0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0240	0.1428 7.0040
	Niere	0.0136	0.0274	0.4956 2.0176
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0109	0.0149	0.7312 1.3677
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427 23.4317
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806 3.5642
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35		Entwicklung 0.0278
		Gastrointenstinal 0.0194
40		Gehirn 0.0063
		Haematopoetisch 0.0157
		Haut 0.0000
		Hepatisch 0.0000
45		Herz-Blutgefaesse 0.0107
		Lunge 0.0145
		Nebenniere 0.0254
		Niere 0.0124
		Placenta 0.0121
		Prostata 0.0249
		Sinnesorgane 0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55		Brust 0.0272
		Eierstock_n 0.0000
		Eierstock_t 0.0203
		Endokrines_Gewebe 0.0000
		Foetal 0.0076
60		Gastrointestinal 0.0000
		Haematopoetisch 0.0114
		Haut-Muskel 0.0194
		Hoden 0.0000
		Lunge 0.0164
65		Nerven 0.0120
		Prostata 0.0137
		Sinnesorgane 0.0155
		Uterus_n 0.0083

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
		Brust 0.0026	0.0000	undef 0.0000
		Duenndarm 0.0000	0.0165	0.0000 undef
		Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0015	0.0021	0.7200 1.3890	
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef	
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef	
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000	
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000	
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef	
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161 0.9842	
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5211 0.3967	
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef	
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef	
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000	
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000	
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef	
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef	
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911	
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef	
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35		Entwicklung 0.0000
		Gastrointenstinal 0.0000
		Gehirn 0.0000
40		Haematopoetisch 0.0000
		Haut 0.0000
		Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036	
45		Lunge 0.0036
		Nebenniere 0.0000
		Niere 0.0000
		Placenta 0.0000
		Prostata 0.0000
		Sinnesorgane 0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55		Brust 0.0000
		Eierstock_n 0.0000
		Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal 0.0041	
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Muster für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust 0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn 0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis 0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0178			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0078			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit	Entwicklung	
		Gastrointenstinal	Gehirn
35	Entwicklung 0.0000	0.0083	
	Gastrointenstinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0079		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
45	Lunge 0.0036		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	Eierstock_n	Eierstock_t
55	Brust 0.0000	0.0000	0.0759
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0759		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0029		
60	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
65	Nerven 0.0040		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0083		

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5		Blase 0.0156	0.0077	2.0339 0.4917
		Brust 0.0051	0.0075	0.6805 1.4694
		Duenndarm 0.0123	0.0331	0.3707 2.6973
		Eierstock 0.0120	0.0104	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321 0.8833
	Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451 2.8974
	Gehirn	0.0133	0.0164	0.8100 1.2346
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0170	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0197	0.0164	1.2066 0.8288
20	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0180	0.1904 5.2530
	Niere	0.0054	0.0274	0.1983 5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
	Penis	0.0240	0.0267	0.8985 1.1129
	Prostata	0.0044	0.0192	0.2275 4.3961
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0272	0.8417 1.1881
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
30	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104		
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0139		
40	Gastrointenstinal	0.0250		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0157		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0260		
45	Herz-Blutgefaesse	0.0178		
	Lunge	0.0036		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0121		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0251		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust	0.0136		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0354		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0245		
60	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0228		
	Haut-Muskel	0.0551		
	Hoden	0.0386		
	Lunge	0.0082		
65	Nerven	0.0181		
	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0167		

Elektronischer N...ern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611 0.7347
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903 1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0092	0.4000 2.5001
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000 undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0087	0.0043	2.0473 0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0082
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nachrichten für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000 -
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Musterkern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0090	0.0188	0.4764 2.0992
	Duendarm 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0050	1.0189 0.9815
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0115	0.0117	0.9839 1.0163
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0131	0.0213	0.6142 1.6282
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0178		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0342
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0021	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer N...ern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0201	0.1698 5.8889
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0081	0.0072	1.1314 0.8839
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080 1.3634
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0043	1.5354 0.6513
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1583	0.0427 23.4317
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0093
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0309
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0100
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0250

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
45	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
65	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Normierter Katalog für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102 1.6389
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166 1.2245
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0182	0.4934 2.0268
10	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0100	1.8679 0.5354
	Gastrointestinal	0.0192	0.0324	0.5917 1.6901
	Gehirn	0.0067	0.0205	0.3240 3.0866
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882 2.5762
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412 2.2666
	Herz	0.0148	0.0275	0.5397 1.8529
	Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0156	0.0102	1.5241 0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454 1.0578
20	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850 0.7782
	Niere	0.0407	0.0068	5.9478 0.1681
	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966 0.8357
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913 0.5582
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668 0.2970
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
30	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165		
	Zervix	0.0319		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointenstinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0393
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0476
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.1114
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0175
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0292
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Nachrichten für SEQ. ID. NO: 17

		NORMAL 3Haeufigkeit	TUMOR 3Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000 undef
	Gehirn	0.0111	0.0031	3.5998 0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621 1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS 3Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0036
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN 3Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0256	0.3051 3.2777
	Brust	0.0090	0.0113	0.7939 1.2595
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140 3.1849
10	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0050	5.0944 0.1963
	Gastrointestinal	0.0096	0.0185	0.5177 1.9316
	Gehirn	0.0044	0.0082	0.5400 1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0379	0.3529 2.8338
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0285	0.0194	1.4706 0.6800
	Herz	0.0042	0.0275	0.1542 6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0083	0.0184	0.4516 2.2144
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere	0.0109	0.0274	0.3965 2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6857
	Penis	0.0060	0.0533	0.1123 8.9035
	Prostata	0.0262	0.0192	1.3648 0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1583	0.0427 23.4317
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0297		
	Samenblase	0.0356		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointenstinal	0.0028
40	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0107
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0064
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0389
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0458

Elektronischer Tumortypen für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068 0.5244
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750 1.1429
	Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415 1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675 1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0125	0.9509 1.0516
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903 1.4487
	Gehirn	0.0096	0.0041	2.3399 0.4274
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117 4.7230
	Haut	0.0330	0.2542	0.1300 7.6946
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0127	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0115	0.0468	0.2460 4.0652
	Lunge	0.0052	0.0082	0.6350 1.5747
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere	0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616 1.7807
	Prostata	0.0087	0.0106	0.8189 1.2211
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointenstinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5				
	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35				
	FOETUS			
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
40	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
45	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
55				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
65	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Katalog für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Mycometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805 1.4694
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151 1.2268
	Gastrointestinal	0.0172	0.0093	1.8638 0.5365
	Gehirn	0.0052	0.0010	5.0397 0.1984
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0201	0.0412	0.4883 2.0480
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299 0.8130
	Lunge	0.0114	0.0184	0.6209 1.6105
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759 2.1012
	Niere	0.0217	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0149	0.0221	0.6731 1.4857
	Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0170	0.3839 2.6051
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192		
	Prostata-Hyperplasie	0.0149		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0071
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Nachnamen für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509 0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800 5.5559
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0032	0.0137	0.2313 4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000 undef
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Mvometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
	Zervix	0.0106		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
40	Gastrointestinal	0.0028		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0072		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0029		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0154		
	Lunge	0.0000		
65	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0083		

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0064	0.0019	3.4026 0.2939
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170 0.3681
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0118	0.0031	3.8398 0.2604
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0109	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0111
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Schrank für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef undef
		Brust 0.0064	0.0000	undef 0.0000
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
		Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513 0.9686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000 undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
40	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL 3Haeufigkeit	TUMOR 3Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208 0.9796
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377 0.4907
	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071 4.8289
	Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999 0.8334
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241 0.6561
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0136	0.0068	1.9826 0.5044
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Mycometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067 9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS 3Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN 3Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0680
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Muster für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL 3Haeufigkeit	TUMOR 3Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0125	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0059	0.0041	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS 3Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN 3Haeufigkeit
55	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0064
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0232
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Nort(), für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0153	0.0094	1.6333 0.6123
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303 4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0105
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer N...ern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0038	0.0046	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0061	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0085	0.2559 3.9077
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_aligemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0051	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0012	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0137	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL ;Haeufigkeit	TUMOR ;Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0104	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	under
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
30	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

35	FOETUS ;Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
45	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN ;Haeufigkeit			
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0082		
65	Nerven 0.0020		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0167		

Elektronischer Nachrichten für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268 4.4083
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283 1.2072
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999 1.1112
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161 0.9842
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983 5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0224		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035		
	Zervix	0.0000		

35	FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0023
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0036
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Notdienst für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0038	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0050	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0022	0.0041	0.5400 1.8520
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000 undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0006	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0020	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Katalog für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.2639	0.0256 39.0528
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

35	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0154	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer N...ern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL 3Haeufigkeit	TUMOR 3Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0026	0.0038	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0000	0.0165	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0082	0.1270 7.8735
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0081	0.0479	0.1699 5.8845
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.2639	0.0256 39.0528
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS 3Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN 3Haeufigkeit	
55	Brust 0.0340	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0029	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0171	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0246	
65	Nerven 0.0030	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0083	

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0015	0.0010	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0120	0.0000 undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0030	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer N...nern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
45	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711 1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointestinal	0.0000		
40	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
45	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0023		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0032		
	Hoden	0.0077		
	Lunge	0.0000		
65	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0077		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer N...nern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0075	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0404	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0073	0.0020	3.5562 0.2812
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis 0.0269	0.1066	0.2527 3.9571
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0101	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0064	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0042	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919 5.2117
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142 2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047 4.8846
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nachrichten für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL \$Haeufigkeit	TUMOR \$Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blaue 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS \$Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
45	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN \$Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
65	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339 0.4917
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537 2.2042
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434 1.8403
	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.3283 1.2072
	Gehirn	0.0118	0.0041	2.8798 0.3472
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353 1.3600
	Herz	0.0064	0.0275	0.2313 4.3235
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0187	0.0164	1.1431 0.8748
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422 0.8755
	Niere	0.0081	0.0205	0.3965 2.5219
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906 0.3039
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata	0.0131	0.0213	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854 11.7158
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
30	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0199		
	Zervix	0.0106		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0071
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0122
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0399
	Haut-Muskel	0.0454
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0301
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Nachweis für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0102	0.0226	0.4537	2.2042
	Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstcck	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0153	0.0046	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0164	0.7621	1.3122
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0276	0.2991	3.3428
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0196	0.0149	1.3161	0.7598
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			

35 FOETUS
} Haeufigkeit

Entwicklung 0.0139
Gastrointestinal 0.0139

40 Gehirn 0.0125
Haematopoetisch 0.0118

Haut 0.0000
Hepatisch 0.0000

45 Herz-Blutgefaesse 0.0000
Lunge 0.0217
Nieren 0.0254

Nebenniere 0.0254
Niere 0.0185
Placenta 0.0303

Prostata 0.0000
Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

Häufigkeit

55 Brust 0.0272
Eierstock n 0.0000

Eierstock_t 0.0557
Endokrines_Gewebe 0.0245

60 Foetal 0.0402
Gastrointestinal 0.0610
Musculoskeletal 0.0343

Haematopoetisch 0.0342
Haut-Muskel 0.0486
Hoden 0.0309

65 noden 0.0369
Lunge 0.0328
Nerven 0.0100

Prostata 0.0274
Sinnesorgane 0.0310

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointenstinal 0.0000			
40	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
45	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nachnamen für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361 7.3472
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698 5.8889
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496 0.6898
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400 1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0053	0.0412	0.1285 7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0052	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422 0.8755
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748 13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482 1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0036
	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef undef
		Brust 0.0000	0.0000	undef undef
		Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
		Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0022	0.0010	2.1599 0.4630	
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef	
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef	
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000	
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000	
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef	
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef	
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000	
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef	
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef	
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef	
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000	
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef	
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef	
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef	
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef	
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointestinal 0.0000		
40		Gehirn 0.0000		
		Haematopoetisch 0.0039		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
		Herz-Blutgefaesse 0.0107		
45		Lunge 0.0036		
		Nebenniere 0.0000		
		Niere 0.0000		
		Placenta 0.0000		
		Prostata 0.0249		
		Sinnesorgane 0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
55		Brust 0.0000		
		Eierstock_n 0.0000		
		Eierstock_t 0.0000		
		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0012		
60		Gastrointestinal 0.0000		
		Haematopoetisch 0.0000		
		Haut-Muskel 0.0000		
		Hoden 0.0000		
		Lunge 0.0000		
65		Nerven 0.0000		
		Prostata 0.0000		
		Sinnesorgane 0.0000		
		Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Nachrichten für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
40	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
45	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0006		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
65	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Musterhern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0165	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0050	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
40	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
45	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
65	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Musterherrn für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
45	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0125	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5		Blase 0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
		Brust 0.0051	0.0000	undef	0.0000
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
		Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640	15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0026	0.0019	1.3611 0.7347
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0106	0.2047 4.8846
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer M... hern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0050	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.0057	0.0093	0.6213 1.6096
	Gehirn 0.0022	0.0041	0.5400 1.8520
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0087	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
45	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0017	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0030	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0042	

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153 1.0926
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889 2.5715
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151 1.2268
	Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992 0.3449
	Gehirn	0.0103	0.0113	0.9163 1.0913
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0234	0.7380 1.3551
	Lunge	0.0145	0.0123	1.1854 0.8436
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0190	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559 3.9077
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		
	Zervix	0.0000		

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
40	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0366
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Nor.ern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0038	0.0075	0.5104 1.9593
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0077	0.0185	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0096	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0109	0.0085	1.2795 0.7815
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.1908	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0068	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0050	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nachrichten für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0281	0.0226	1.2476 0.8015
	Duenndarm 0.0307	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0153	0.0324	0.4733 2.1127
	Gehirn 0.0044	0.0072	0.6171 1.6205
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0061	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0154	0.0180	0.8567 1.1673
	Niere 0.0217	0.0068	3.1722 0.3152
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000 undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

35	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0139
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0303
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0476	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0101	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0151	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
65	Nerven 0.0050	
	Prostata 0.0137	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0208	

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0156	0.0102	1.5254 0.6555
		Brust 0.0115	0.0207	0.5568 1.7960
		Duenndarm 0.0215	0.0165	1.2976 0.7707
		Eierstock 0.0240	0.0260	0.9210 1.0858
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0172	0.0139	1.2425 0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0246	0.6900 1.4494
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255 0.8160
	Herz	0.0180	0.0275	0.6553 1.5260
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526 1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133 0.5837
	Niere	0.0081	0.0411	0.1983 5.0439
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940 0.4775
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616 1.7807
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709 0.3256
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
	Zervix	0.0426		
35			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
		Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0139		
40		Gehirn	0.0125	
	Haematopoetisch	0.0157		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0260		
	Herz-Blutgefaesse	0.0213		
45		Lunge	0.0036	
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0126		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
55		Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0151		
60	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0194		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0246		
65	Nerven	0.0211		
	Prostata	0.0274		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0125		

Elektronischer Tumortypen für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0056	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0075	1.5849 0.6309
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0059	0.0072	0.8228 1.2153
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0031	0.0020	1.5241 0.6561
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428 7.0040
	Niere 0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0276	0.1197 8.3571
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0153	0.0170	0.8957 1.1165
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0083
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0136	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0058	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0154	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0030	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer N...ern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254 0.6555
	Brust	0.0038	0.0094	0.4083 2.4491
	Duenndarm	0.0031	0.0331	0.0927 10.7893
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195 1.3898
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0100	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal	0.0230	0.0046	4.9700 0.2012
	Gehirn	0.0096	0.0082	1.1699 0.8547
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0052	0.0041	1.2701 0.7873
20	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421 0.1983
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283 2.3347
	Niere	0.0081	0.0274	0.2974 3.3626
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479 1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616 1.7807
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320 31.2422
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0256		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointenstinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0236
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0356
	Lunge	0.0289
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0628

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer K...nern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0244	0.0137	1.7843 0.5604
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserhoehe 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0000			
40	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
45	Lunge 0.0000			
	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
60	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
65	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Musterherrn für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0038	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0022	0.0010	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef under
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0047	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0097	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0125	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102 1.6389
	Brust	0.0038	0.0188	0.2042 4.8982
	Duenndarm	0.0153	0.0331	0.4634 2.1579
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0125	1.0868 0.9201
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0041	1.2599 0.7937
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0847	0.0000 undef
15	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902 2.0400
	Herz	0.0307	0.0275	1.1179 0.8945
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000 undef
	Lunge	0.0042	0.0286	0.1452 6.8893
20	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0120	0.4283 2.3347
	Niere	0.0054	0.0137	0.3965 2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0110	1.0470 0.9551
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095 2.4423
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1583	0.0854 11.7158
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0160		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
30	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0557
	Gastrointenstinal	0.0194
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0142
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0748
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0105
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0421
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Nachrichten für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

35	FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 70

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
45	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Nachschlern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074 1.1021
	Duenndarm	0.0215	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289 3.0402
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0728	0.0185	3.9346 0.2542
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838 5.4400
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0114	0.0061	1.8628 0.5368
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
30	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

35	FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0083
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0608
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 72

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.2111	0.0320 31.2422
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0309
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0047
60	Gastrointestinal 0.0366
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0125

Elektronischer Nr. Hern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0000	0.0165	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0021	0.0061	0.3387 2.9526
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0043	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

35	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0136	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0029	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0114	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0010	
	Prostata 0.0137	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 74

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0051	1.5254 0.6555
	Brust 0.0051	0.0075	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0125	0.9509 1.0516
	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0059	0.0051	1.1519 0.8681
	Haematopoetisch 0.0187	0.0379	0.4940 2.0241
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0073	0.0041	1.7781 0.5624
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0120	0.0000 undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0043	1.5354 0.6513
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.2513
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0023
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0246
65	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer Noern für SEQ. ID. NO: 75

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	Brust 0.0026	0.0038	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0090	0.0078	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0075	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0019	0.0231	0.0828 12.0723
	Gehirn 0.0089	0.0031	2.8798 0.3472
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0031	0.0061	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
20	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

35	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0151
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0114
	Haut-Muskel 0.0130
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0060
65	Prostata 0.0137
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0208

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL †Haeufigkeit	TUMOR †Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000 undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.2111	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS †Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
40	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
45	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN †Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
65	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer N...ern für SEQ. ID. NO: 77

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
45	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
65	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 78

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
40.	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Number für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef undef
		Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
		Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000 undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35			FOETUS %Haeufigkeit	
			Entwicklung 0.0278	
40	Gastrointenstinal	0.0056		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust	0.0068		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0164		
65	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0042		

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Numeren für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
45	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
65	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Nort(), für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0077	0.0150	0.5104 1.9593
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0208	0.4317 2.3163
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0150	0.4528 2.2083
	Gastrointestinal	0.0268	0.0231	1.1597 0.8623
	Gehirn	0.0081	0.0123	0.6600 1.5152
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
	Herz	0.0011	0.0412	0.0257 38.9118
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540 3.9367
20	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133 0.5837
	Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991 3.3428
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0305	0.0554	0.5512 1.8143
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0131
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer N... Hern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
40	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Katalog für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL 3Haeufigkeit	TUMOR 3Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
		Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
		Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelet	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS 3Haeufigkeit
35		Entwicklung 0.0000
		Gastrointenstinal 0.0000
40		Gehirn 0.0000
		Haematopoetisch 0.0000
		Haut 0.0000
		Hepatisch 0.0000
45		Herz-Blutgefaesse 0.0000
		Lunge 0.0000
		Nebenniere 0.0000
		Niere 0.0000
		Placenta 0.0000
		Prostata 0.0000
		Sinnesorgane 0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		3Haeufigkeit	
55		Brust 0.0000	
		Eierstock_n 0.0000	
		Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
		Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 86

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	→ Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer N...nern für SEQ. ID. NO: 87

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0204	0.1907 5.2444
	Brust 0.0128	0.0075	1.7013 0.5878
	Duenndarm 0.0123	0.0165	0.7415 1.3487
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3838 2.6058
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0038	0.0139	0.2761 3.6217
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0077	1.2605 0.7933
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0044	0.0149	0.2925 3.4192
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	under undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0068	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0051	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nachrichten für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Notruf für SEQ. ID. NO: 90

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
45	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818 0.4198
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999 0.5556
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300 7.6946
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997 10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
	Zervix	0.0106		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointenstinal	0.0111
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0036
	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserhoehe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
65	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer N. Daten für SEQ. ID. NO: 93

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit	Entwicklung	
		Gastrointenstinal	Gehirn
35		0.0000	0.0000
		Haematopoetisch	0.0000
		Haut	0.0000
		Hepatisch	0.0000
40		Herz-Blutgefaesse	0.0000
		Lunge	0.0000
		Nebenniere	0.0000
		Niere	0.0000
		Placenta	0.0000
		Prostata	0.0000
45		Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000 undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599 0..4630
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611 1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.2513
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0107
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

Elektronischer N...ern für SEQ. ID. NO: 95
I QUERY: uet_g19894iu_2.fasta.ext

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 104
I

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	underf
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Katalog für SEQ. ID. NO: 105
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 106
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0330	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0533	0.0000 undef
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0030	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0083	

Elektronischer Nr. Itern für SEQ. ID. NO: 107
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 108
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377 0.4907
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0022	0.0010	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0052	0.0020	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
45	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nomern für SEQ. ID. NO: 109
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
45	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 110
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Musterbericht für SEQ. ID. NO: 111
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0165	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0015	0.0021	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0041	0.2540 3.9367
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0040	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 112
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Nachschern für SEQ. ID. NO: 113
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal 0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
15	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0139		
	Gastrointenstinal 0.0111		
40	Gehirn 0.0063		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0036		
45	Lunge 0.0108		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0061		
	Prostata 0.0249		
	Sinnesorgane 0.0000		

	Brust 0.0000 Eierstock_n 0.0000 Eierstock_t 0.0000 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0041	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0057		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
60	Nerven 0.0050		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
65	Uterus_n 0.0125		

Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 114
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Musterhern für SEQ. ID. NO: 115
I

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640.15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
40	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
45	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
65	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 116
I

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
		Brust 0.0051	0.0038-	1.3611 0.7347
		Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
		Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000 1.6668
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621 1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35		Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0030
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0310
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Musterhern für SEQ. ID. NO: 117
I

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	.	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000			
60	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Notruf für SEQ. ID. NO: 118
I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5				
	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
40	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut 0.0000	
	Hepatisch 0.0000	
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nebenniere 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Placenta 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Numeren für SEQ. ID. NO: 119
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0022	0.0021	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0041	0.2540 3.9367
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0231
	Lunge 0.0164
65	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0125

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 120

I

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0000	undef undef
		Brust 0.0000	0.0000	undef undef
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
		Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35				
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
40	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
45	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer N...ern für SEQ. ID. NO: 121
I

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Blase 0.0000	0.0077	0.0000 undef
		Brust 0.0038	0.0038	1.0208 0.9796
		Duenndarm 0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
		Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10		Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0050	1.0189 0.9815
		Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
		Gehirn 0.0037	0.0062	0.6000 1.6668
		Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
		Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15		Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
		Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
		Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
		Lunge 0.0031	0.0041	0.7621 1.3122
20		Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
		Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
		Niere 0.0000	0.0000	undef undef
		Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
		Penis 0.0060	0.0267	0.2246 4.4517
		Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25		Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
		Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445 0.4455
		Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
		Brust-Hyperplasie 0.0000		
		Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30		Samenblase 0.0000		
		Sinnesorgane 0.0118		
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
		Zervix 0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
		Entwicklung 0.0000		
		Gastrointenstinal 0.0028		
40		Gehirn 0.0000		
		Haematopoetisch 0.0039		
		Haut 0.0000		
		Hepatisch 0.0000		
		Herz-Blutgefaesse 0.0036		
45		Lunge 0.0036		
		Nebenniere 0.0000		
		Niere 0.0000		
		Placenta 0.0000		
		Prostata 0.0249		
		Sinnesorgane 0.0126		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
55		Brust 0.0136		
		Eierstock_n 0.0000		
		Eierstock_t 0.0000		
		Endokrines_Gewebe 0.0000		
		Foetal 0.0052		
60		Gastrointestinal 0.0000		
		Haematopoetisch 0.0057		
		Haut-Muskel 0.0032		
		Hoden 0.0077		
		Lunge 0.0164		
65		Nerven 0.0030		
		Prostata 0.0000		
		Sinnesorgane 0.0310		
		Uterus_n 0.0042		

Elektronischer Nort : für SEQ. ID. NO: 122
I

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675 1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142 2.4145
	Gehirn	0.0023	0.0021	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0095	0.0412	0.2313 4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0031	0.0164	0.1905 5.2490
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807 2.6265
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412 2.9308
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320 31.2422
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0204	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017		
	Zervix	0.0106		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
45	Herz-Blutgefaesse	0.0107
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
60	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0250

Elektronischer N...ern für SEQ. ID. NO: 123
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
45	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
65	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 124
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0077	0.5085 1.9666
	Brust 0.0128	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0061	0.0165	0.3707 2.6973
	Eierstock 0.0060	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0037	0.0051	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0042	0.0137	0.3084 3.2426
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0042	0.0041	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0056
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0076
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0228
	Haut-Muskel 0.0227
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0155
	Uterus_n 0.0083

Elektronischer N...hern für SEQ. ID. NO: 125
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0038	0.0094	0.4083 2.4491
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0021	0.0137	0.1542 6.4853
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0041	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0128	0.3412 2.9308
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0101	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0041	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0456	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0154	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0010	
	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0042	

Elektronischer Nord für SEQ. ID. NO: 126
 I QUERY: uet_g1988732_2.fasta.ext

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
40	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
45	Lunge	0.0000		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
60	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0077		
	Lunge	0.0000		
65	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

Elektronischer Musterkatalog für SEQ. ID. NO: 127
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0050	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0041	0.1800 5.5559
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.0000		

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0023	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0110	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0155	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 128

I

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
		Brust 0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
		Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
		Eierstock 0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointenstinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
45	Herz-Blutgefaesse	0.0071
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer N...ern für SEQ. ID. NO: 129
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 130
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0234	0.0230	1.0170 0.9833
	Brust 0.0269	0.0207	1.2992 0.7697
	Duenndarm 0.0061	0.0662	0.0927 10.7893
	Eierstock 0.0150	0.0572	0.2616 3.8219
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0100	0.8491 1.1778
	Gastrointestinal 0.0134	0.0463	0.2899 3.4492
	Gehirn 0.0015	0.0092	0.1600 6.2504
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0551	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0388	0.3676 2.7200
	Herz 0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0073	0.0286	0.2540 3.9367
	Magen-Speiserohre 0.0966	0.0077	12.6053 0.0793
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis 0.0329	0.1600	0.2059 4.8565
	Prostata 0.0087	0.0043	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
30	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0532		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointestinal 0.0056
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0146
60	Gastrointestinal 0.0366
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0573
65	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Noern für SEQ. ID. NO: 131
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0007	0.0031	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1583	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
45	Lunge 0.0036		
	Nebenniere 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 132
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0165	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0096	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0037	0.0010	3.5998 0.2778
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
	Herz 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496 6.6857
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0065	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
40	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0082
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0246
65	Nerven 0.0100
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Nachweis für SEQ. ID. NO: 133

I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0195	0.0077	2.5424 0.3933
	Brust 0.0064	0.0075	0.8507 1.1756
	Duenn darm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0226	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0081	0.0092	0.8800 1.1364
	Haematopoetisch 0.0067	0.0379	0.1764 5.6676
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
	Herz 0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0083	0.0102	0.8129 1.2302
	Magen-Speiseroehr 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0180	0.5711 1.7510
	Niere 0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0329	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0153	0.0064	2.3885 0.4187
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1290 7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0136	2.2443 0.4455
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0113		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0069		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0157
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0099
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0097
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0246
65	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0342
	Sinnesorgane 0.0387
	Uterus_n 0.0250

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 134
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

35	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0006	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Nomern für SEQ. ID. NO: 135
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0312	0.0486	0.6423 1.5569
	Brust 0.0192	0.0282	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0399	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0210	0.0364	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe 0.0290	0.0326	0.8882 1.1258
	Gastrointestinal 0.0460	0.0231	1.9880 0.5030
	Gehirn 0.0532	0.0575	0.9257 1.0803
	Haematopoetisch 0.0348	0.0379	0.9175 1.0899
	Haut 0.0367	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0048	0.0647	0.0735 13.5999
	Herz 0.0699	0.0412	1.6961 0.5896
	Hoden 0.0288	0.4210	0.0683 14.6349
	Lunge 0.0343	0.0368	0.9314 1.0737
20	Magen-Speiseroehre 0.0773	0.0230	3.3614 0.2975
	Muskel-Skelett 0.0497	0.0660	0.7528 1.3283
	Niere 0.0353	0.1575	0.2241 4.4619
	Pankreas 0.0165	0.0939	0.1760 5.6828
	Penis 0.0299	0.0267	1.1232 0.8903
	Prostata 0.0196	0.0298	0.6580 1.5197
25	Uterus_Endometrium 0.0270	0.1583	0.1707 5.8579
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0679	0.3367 2.9702
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0192		
	Prostata-Hyperplasie 0.0505		
30	Samenblase 0.0890		
	Sinnesorgane 0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0399		
	Zervix 0.0319		

35	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0417
	Gastrointenstinal 0.0333
40	Gehirn 0.0313
	Haematopoetisch 0.0197
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0783
45	Lunge 0.0217
	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0309
	Placenta 0.0727
	Prostata 0.0997
	Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0152	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0082	
60	Gastrointestinal 0.0244	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0077	
	Lunge 0.0082	
65	Nerven 0.0141	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0310	
	Uterus_n 0.0125	

Elektronischer Nort für SEQ. ID. NO: 136
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0039	0.0077	0.5085 1.9666
	Brust 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0025	2.7170 0.3681
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0007	0.0031	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0173	0.0117	1.4759 0.6775
	Lunge 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.1055	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0056
40	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0164
65	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Nomern für SEQ. ID. NO: 137
I

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	#Haeufigkeit	#Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

35	FOETUS
	#Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	#Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0006	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0077	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0010	
	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 138

I

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_aligemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Nummern für SEQ. ID. NO: 139 ()
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0078	0.0128	0.6102 1.6389
	Brust 0.0115	0.0169	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0000	0.0165	0.0000 undef
	Eierstock 0.0060	0.0260	0.2303 4.3431
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0176	0.8733 1.1451
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0074	0.0092	0.8000 1.2501
	Haematopoetisch 0.0080	0.0758	0.1059 9.4460
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
	Herz 0.0201	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0234	0.2460 4.0652
	Lunge 0.0114	0.0164	0.6985 1.4315
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0077	2.5211 0.3967
20	Muskel-Skelett 0.0051	0.0120	0.4283 2.3347
	Niere 0.0136	0.0137	0.9913 1.0088
	Pankreas 0.0066	0.0110	0.5983 1.6714
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0128	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0079
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
45	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0424
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0099
60	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0082
65	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0167

Elektronischer Notruf für SEQ. ID. NO: 140
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserhoehe 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
40	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0051	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0006	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
65	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Noern für SEQ. ID. NO: 141
I

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
		Brust 0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
		Duenndarm 0.0184	0.0000	undef	0.0000
		Eierstock 0.0120	0.0104	1.1513	0.8686
10		Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0176	0.5822 1.7176
		Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142 2.4145
		Gehirn 0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
		Haematopoetisch 0.0174	0.0000	undef	0.0000
		Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
15		Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
		Herz 0.0064	0.0000	undef	0.0000
		Hoden 0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
		Lunge 0.0104	0.0204	0.5080	1.9684
		Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
20		Muskel-Skelett 0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
		Niere 0.0244	0.0000	undef	0.0000
		Pankreas 0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
		Penis 0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
		Prostata 0.0153	0.0149	1.0236	0.9769
25		Uterus_Endometrium 0.0270	0.2111	0.1280	7.8106
		Uterus_Myometrium 0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
		Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
		Brust-Hyperplasie 0.0192			
		Prostata-Hyperplasie 0.0327			
30		Samenblase 0.0178			
		Sinnesorgane 0.0235			
		Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
		Zervix 0.0319			

35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
		Entwicklung 0.0000			
		Gastrointestinal 0.0305			
40		Gehirn 0.0313			
		Haematopoetisch 0.0039			
		Haut 0.0000			
		Hepatisch 0.0520			
		Herz-Blutgefaesse 0.0107			
45		Lunge 0.0253			
		Nebenniere 0.0000			
		Niere 0.0309			
		Placenta 0.0061			
		Prostata 0.0000			
		Sinnesorgane 0.0000			

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55		Brust 0.0068			
		Eierstock_n 0.0000			
		Eierstock_t 0.0253			
		Endokrines_Gewebe 0.0245			
		Foetal 0.0093			
60		Gastrointestinal 0.0122			
		Haematopoetisch 0.0000			
		Haut-Muskel 0.0000			
		Hoden 0.0000			
		Lunge 0.0246			
65		Nerven 0.0020			
		Prostata 0.0068			
		Sinnesorgane 0.0000			
		Uterus_n 0.0042			

Elektronischer Notfall für SEQ. ID. NO: 142
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0273	0.0383	0.7119 1.4047
	Brust 0.0141	0.0244	0.5758 1.7366
	Duenndarm 0.0245	0.0331	0.7415 1.3487
	Eierstock 0.0120	0.0312	0.3838 2.6058
10	Endokrines_Gewebe 0.0290	0.0201	1.4434 0.6928
	Gastrointestinal 0.0287	0.0278	1.0354 0.9658
	Gehirn 0.0133	0.0298	0.4469 2.2378
	Haematopoetisch 0.0281	0.0379	0.7411 1.3494
	Haut 0.0073	0.0847	0.0866 11.5419
15	Hepatisch 0.0381	0.0259	1.4706 0.6800
	Herz 0.0191	0.1512	0.1262 7.9265
	Hoden 0.0173	0.0702	0.2460 4.0652
	Lunge 0.0447	0.0470	0.9498 1.0528
	Magen-Speiseroehre 0.0773	0.0153	5.0421 0.1983
20	Muskel-Skelett 0.0668	0.0420	1.5909 0.6286
	Niere 0.0190	0.0342	0.5551 1.8014
	Pankreas 0.0066	0.0331	0.1994 5.0142
	Penis 0.0150	0.1600	0.0936 10.6842
	Prostata 0.0196	0.0149	1.3161 0.7598
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0204	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.1240		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0111
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0036
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0364
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0408
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0253
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0169
60	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0454
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Nr. Iern für SEQ. ID. NO: 143
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0390	0.0383	1.0170 0.9833
	Brust 0.0102	0.0301	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0429	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0156	0.1919 5.2117
10	Endokrines_Gewebe	0.0358	1.0189 0.9815
	Gastrointestinal	0.0115	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0148	0.0226	0.6545 1.5279
	Haematopoetisch 0.0227	0.2273	0.1000 10.0016
	Haut 0.0367	0.1695	0.2166 4.6168
15	Hepatisch 0.0285	0.0582	0.4902 2.0400
	Herz 0.0445	0.0687	0.6476 1.5441
	Hoden 0.0173	0.0234	0.7380 1.3551
	Lunge 0.0291	0.0470	0.6185 1.6169
	Magen-Speiseroehre 0.0580	0.0153	3.7816 0.2644
20	Muskel-Skelett 0.0685	0.0840	0.8159 1.2257
	Niere 0.0244	0.0685	0.3569 2.8022
	Pankreas 0.0116	0.0607	0.1904 5.2530
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0131	0.0064	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.6332	0.0213 46.8633
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0408	0.1870 5.3463
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0867		
	Zervix 0.0639		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0167
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0236
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0182
	Prostata 0.0997
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0464
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 144

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

35	FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0006	
60	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
65	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer Ndern für SEQ. ID. NO: 145

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T T/N
5	Blase 0.0156	0.0051	3.0509 0.3278
	Brust 0.0000	0.0038	0.0000 undef
	Duenndarm 0.0000	0.0331	0.0000 undef
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0050	1.0189 0.9815
	Gastrointestinal 0.0077	0.0139	0.5522 1.8109
	Gehirn 0.0059	0.0062	0.9599 1.0417
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
	Herz 0.0085	0.0275	0.3084 3.2426
	Hoden 0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge 0.0062	0.0143	0.4355 2.2964
	Magen-Speiserhoehe 0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett 0.0137	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0033	0.0276	0.1197 8.3571
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
45	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0242
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0272
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0253
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0151
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0356
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Notruf für SEQ. ID. NO: 146
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust 0.0013	0.0056	0.2268 4.4083
	Duenndarm 0.0061	0.0165	0.3707 2.6973
	Eierstock 0.0120	0.0052	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0025	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0077	0.0046	1.6567 0.6036
	Gehirn 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0275	0.0000 undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0041	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824 1.4654
35	Uterus_Endometrium 0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0235		
40	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0063
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
45	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
55	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0051	
	Endokrines_Gewebe 0.0245	
	Foetal 0.0041	
60	Gastrointestinal 0.0244	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0164	
65	Nerven 0.0010	
	Prostata 0.0137	
	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

Elektronischer N...ern für SEQ. ID. NO: 147
I

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5		Biase 0.0039	0.0000	undef 0.0000
		Brust 0.0051	0.0094	0.5444 1.8368
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
		Eierstock 0.0090	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491 1.1778
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771 12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321 0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
	Zervix	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35		Entwicklung 0.0000
		Gastrointestinal 0.0056
40		Gehirn 0.0063
		Haematopoetisch 0.0000
		Haut 0.0000
		Hepatisch 0.0000
45		Herz-Blutgefaesse 0.0000
		Lunge 0.0036
		Nebenniere 0.0000
		Niere 0.0062
		Placenta 0.0061
		Prostata 0.0000
		Sinnesorgane 0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55		Brust	0.0204
		Eierstock_n	0.0000
		Eierstock_t	0.0051
		Endokrines_Gewebe	0.0000
		Foetal	0.0116
60		Gastrointestinal	0.0122
		Haematopoetisch	0.0000
		Haut-Muskel	0.0130
		Hoden	0.0000
		Lunge	0.0164
65		Nerven	0.0060
		Prostata	0.0000
		Sinnesorgane	0.0000
		Uterus_n	0.0000

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 148
I

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust 0.0064	0.0150	0.4253 2.3511
	Duenndarm 0.0000	0.0496	0.0000 undef
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0050	1.3585 0.7361
	Gastrointestinal 0.0096	0.0046	2.0708 0.4829
	Gehirn 0.0052	0.0051	1.0079 0.9921
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0083	0.0061	1.3548 0.7381
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis 0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.1055	0.0640 15.6211
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
30	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0139
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0082
65	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

2.2 Fisher-Test

- Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.
- Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen
- Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).
- Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplett oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.
- Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	96.43				
2	100.00	Mouse mammary tumor virus proviral envelope gene Polymerase protein	unbekannt 351	377 373	D2S174-D2S390
3	99.47	Homolog zu Human protein kinase C-binding protein RACK17	261	1571	D1S477-D1S504
4	98.71	Homolog zu Human mRNA for KIAA0079	200	1789	D10S537- D10S21 ^a
5	93.39	Caenorhabditis elegans cosmid T23B12	174	2361	D20S10U- D20S173
6	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid C01A2	248	1638	
7	96.43		unbekannt 244	1034	D12S1589- D12S85
8	98.71		unbekannt 308	947	
9	98.71		unbekannt 278	497	
10	99.85		unbekannt 210	269	
11	99.85		unbekannt 291	1717	
12	98.71		unbekannt 271	1419	
13	99.47		unbekannt 253	671	
14	98.71		unbekannt 133	524	
15	98.71		unbekannt 285	345	
16	98.71	rGSTK1-1=glutathione S-transferase subunit 13	332	1060	
17	98.71	Rattus norvegicus neuritin	312	1721	D6S1617- D6S1674
18	99.47	Rattus norvegicus cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase	370	2367	Chorf:
19	98.71	Rat unr mRNA for unr protein with unknown function	269	1321	D1S418-D1S252
20	99.98	Rat prostatic binding protein polypeptide c1	337	384	
21	98.71	Rat GTP-binding protein (ral B)	276	367	
22	98.71	R.norvegicus mRNA for TRAP-complex gamma subunit	254	2621	
23	98.71	P.salivum mRNA for Cop1 protein	431	2019	D1S242-D1S416
24	99.85	P.falciparum pfmdr1 gene	359	1866	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / identisch mit	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
25	98.71	ORF 5' of ECLF2...ECRF3=G protein-coupled receptor homolog	317	1189	
26	96.43	O.cuniculus lambda-crystallin mRNA	318	1418	
27	96.43	Mus musculus flotillin	236	814	
28	96.43	Mouse glycerol-3-phosphate acyltransferase	295	3039	
29	98.71	Mouse clathrin-associated protein (AP47)	251	1448	
30	93.39	Lycopersicon esculentum biotin-containing subunit of methylcrotonyl-CoA carboxylase	317	1394	
31	98.71	Leucine aminopeptidase, bovine	367	734	
32	96.43	Klebsiella pneumoniae possible RNA helicase (dead)	243	692	
33	99.99	Human gammaglobulin Homolog	268	517	
34	98.71	Human DNA sequence from PAC 138A5 on chromosome X	284	322	
35	99.99	Human DNA sequence from clone 230G1	282	1559	
36	98.71	Human DNA sequence from clone 217C2	210	1072	
37	98.71	Human Cosmid Clone 26a1	369	454	D22S420-D22S446
38	98.71	Homolog zu Human chromosome 3p21.1 gene sequence	302	700	3p21.1
39	98.71	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid f21246	274	914	
40	98.71	H.sapiens mRNA for Ptg-1 protein	329	1669	D17S791-D17S797
41	98.71	H.sapiens CpG island DNA genomic Mse1 fragment	354	355	
42	98.78	H.sapiens (TL5) mRNA from LNCaP cell line	348	2628	
43	98.71	Genomic sequence from Human 9q34	269	2535	D9S179-D9S164
44	99.85	Drosophila melanogaster misato gene	282	805	D1S305-D1S506
45	99.85	Chicken mRNA for vitellogenin I	246	1279	
46	99.85	Caenorhabditis elegans DNA from clone F31D4	235	1923	
47	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863	273	706	
48	99.98	Caenorhabditis elegans cosmid ZK863	292	749	
49	96.43	Caenorhabditis elegans cosmid ZK596	279	857	D10S212
50	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid T26A5	236	268	
51	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid T21G5	253	297	
52	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid F56D5	185	590	
53	96.43	Caenorhabditis elegans cosmid F25D7	307	1714	
54	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid F08C6	200	1340	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identität mit Ausgangs-EST in Basen	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
55	96.43	C botulinum bont (partial) and nth genes	415	765	
56	96.43	Bovine mRNA fragment for 49 kDa subunit of mitochondrial NADH:ubiquinone oxidoreductase (EC 1.6.5.3)	398	1647	
57	99.85	Bos taurus (clone pTKD7) dopamine and cyclic AMP-regulated neuronal phosphoprotein (DARPP-32)	255	1166	
58	98.71	A thaliana mRNA for RNA helicase	274	487	
59	93.39	A. thaliana glycine-rich protein {clone aIGRP-4}	236	1630	D5S3{ D5S211{
60	93.39	Saccharomyces cerevisiae Grd19p (GRD19)	306	1272	
61	96.43	Saccharomyces cerevisiae chromosome XII cosmid 9328	254	1914	D7S667- D7S2427
62	98.71	S pombe chromosome I cosmid c13D6	226	608	
63	99.92	Rattus norvegicus RNA helicase with arginine-serine-rich domain	279	2674	D17S797- D17S788
64	98.71	Rattus norvegicus matrilysin (MMP-7) mRNA	235	326	
65	98.71	Rattus norvegicus Diphor-1	347	888	D1S2669- D1S498
66	98.71	Human herpesvirus-7 (HHV7) JI, G protein-coupled receptor (GCR)	202	202	
67	98.71	Homolog zu Human synapsin I (SYN1)	325	1225	
68	98.78	Homolog zu Human PAX3 gene	286	1093	
69	98.71	Homolog zu Human multiple exostosis 2 (EXST2)	305	309	
70	98.71	Homolog zu Homo sapiens integrin variant beta4E (ITGB4)	378	380	
71	98.71	Homolog zu Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	235	1253	
72	99.92	Homolog zu H.sapiens mRNA for deoxyguanosine kinase	309	439	
73	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid Y48E1B	255	1252	D4S1619- D4S1600
74	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid T21D12	313	695	
75	98.71	Caenorhabditis elegans cosmid R107	262	2514	D13S261- D13S293
76	99.98	Caenorhabditis elegans cosmid M04C9	273	274	
77	98.71	Bovine opsin	325	449	
78	99.85	unbekannt	313	346	
79	99.85	unbekannt	241	1329	
80	99.85	unbekannt	152	805	
81	98.71	unbekannt	238	420	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identität mit	Ausgangs-EST in Basen	Länge des angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
82	98.71	unbekannt	329	2143	D9S264-D9S257
83	98.71	unbekannt	347	450	
84	98.71	unbekannt	206	408	
85	99.85	unbekannt	276	311	
86	99.85	unbekannt	371	487	
87	96.43	unbekannt	169	1902	
88	96.43	unbekannt	268	1048	D11S1765-D11S913
89	99.85	unbekannt	264	804	
90	98.71	unbekannt	235	581	
91	98.71	unbekannt	201	2042	
92	99.85	unbekannt	328	430	
93	98.71	unbekannt	273	592	
94	98.71	unbekannt	290	674	
95	98.71	unbekannt	153	324	
96	98.71	unbekannt	279	709	
97	99.85	unbekannt	249	562	
98	98.71	unbekannt	406	1948	
99	99.85	unbekannt	302	483	
100	98.71	unbekannt	274	437	
101	99.85	unbekannt	359	359	
102	98.71	unbekannt	210	501	
103	98.71	unbekannt	269	1102	
104	98.71	unbekannt	253	306	
105	98.71	unbekannt	322	2042	
106	98.71	unbekannt	216	320	
107	96.43	unbekannt	321	506	
108	96.43	unbekannt	377	1276	
109	99.85	unbekannt	372	373	
110	99.85	unbekannt	347	492	
111	99.85	unbekannt	194	1678	D6S278-D6S302
112	98.71	unbekannt	342	866	D9S1841-D9S196

Sequenz ID No...:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Homolog zu / Identisch mit	Länge des Ausgangs-ESST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
113	96.43	unbekannt	265	1434	D18S1124-D18S468
114	99.92	unbekannt	319	914	D7S686-D7S530
115	98.71	unbekannt	149	685	D8S1821-D8S255
116	96.43	unbekannt	246	2646	
117	96.43	unbekannt	327	2667	
118	98.71	unbekannt	330	544	
119	96.43	unbekannt	238	1340	D18S471-D18S-
120	98.71	unbekannt	298	2376	
121	98.71	unbekannt	225	225	
122	98.71	unbekannt	345	1967	D6S292-D6S1699
123	99.85	unbekannt	288	612	
124	96.43	unbekannt	338	1183	D2S315-D2S2237
125	93.39	unbekannt	280	891	D1S472-D1S2743
126	98.71	unbekannt	261	482	
127	96.41	Human triosephosphate isomerase mRNA	260	610	
128	93.39	Human ras inhibitor mRNA	260	2072	
129	98.71	Human R kappa B	222	980	
130	98.71	Human putative interferon-related protein (SM15)	193	792	
131	96.43	Human protein trafficking protein (S31iii125)	333	1092	
132	98.71	Human protein kinase C-binding protein RACK7	246	1523	
133	99.21	Human gene for histone H1(0)	277	2241	
134	96.43	Human cathepsin B proteinase	204	631	
135	100.00	Homo sapiens cathepsin B mRNA	356	980	
136	96.43	unbekannt	283	2238	
137	98.71	H.sapiens XG mRNA	267	398	
138	98.71	H.sapiens mRNA for RAB7 protein	225	1084	
139	98.71	H.sapiens mRNA for pyrroline 5-carboxylate synthetase	250	1259	
140	98.71	H.sapiens mRNA for beta-1,4-galactosyltransferase	292	1938	
141	96.43	H.sapiens IL-13Ra	258	1874	

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
1	142
	143
	144
2	145
	146
	147
3	148
	149
	150
4	151
	152
	153
5	154
	155
	156
6	157
	158
	159
7	160
	161
	162
8	163
	164
	165
9	166
	167
	168
10	169
	170
	171
11	172
	173
	174
12	175

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Pept. Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
12	176
	177
13	178
	179
	180
14	181
	182
	183
15	184
	185
	186
	187
16	188
	189
	190
17	191
	192
	193
18	194
	195
	196
19	197
	198
	199
20	200
	201
	202
21	203
	204
22	205
	206
	207
23	208
	209
	210
24	211

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
24	212
	213
25	214
	215
	216
26	217
	218
	219
27	220
	221
	222
28	223
	224
	225
29	226
	227
	228
30	229
	230
	231
31	232
	233
	234
32	235
	236
	237
33	238
	239
	240
34	241
	242
	243
35	244
	245
	246
36	247

Dl. Sequenzen Seq. ID. No.	Pep. Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
36	248
	249
37	250
	251
	252
38	253
	254
	255
39	256
	257
	258
40	259
	260
	261
41	262
	263
	264
42	265
	266
	267
43	268
	269
	270
44	271
	272
	273
45	274
	275
	276
46	277
	278
	279
47	280
	281
	282
48	283

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
48	284
	285
49	286
	287
	288
50	289
	290
	291
	292
51	293
	294
	295
52	296
	297
	298
53	299
	300
	301
54	302
	303
	304
55	305
	306
	307
56	308
	309
	310
57	311
	312
	313
58	314
	315
	316
59	317
	318
	319

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Pep...-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
60	320
	321
	322
61	323
	324
	325
62	326
	327
	328
63	329
	330
	331
64	332
	333
	334
	335
65	336
	337
	338
66	339
	340
	341
67	342
	343
	344
68	345
	346
	347
69	348
	349
	350
70	351
	352
	353
71	354
	355

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
71	356
72	357
	358
	359
	360
73	361
	362
	363
74	364
	365
	366
75	367
	368
	369
76	370
	371
	372
77	373
	374
	375
78	376
	377
	378
79	379
	380
	380
	381
80	382
	383
	384
81	385
	386
	387
82	388
	389
	390

DN _n Sequenzen Seq. ID. No.	Pep _n Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
83	391
	392
	393
84	394
	395
85	396
	397
	398
86	399
	400
	401
	402
87	403
	404
	405
	406
88	407
	408
	409
89	410
	411
	412
90	413
	414
	415
91	416
	417
	418
92	419
	420
	421
	422
93	423
	424
	425
94	426

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
94	427
	428
95	429
	430
	431
	432
96	433
	434
	435
97	436
	437
	438
98	439
	440
	441
99	442
	443
	444
100	445
	446
	447
101	448
	449
	450
102	451
	452
	453
103	454
	455
	456
104	457
	458
	459
	460
105	461
	462

DN Sequenzen Seq. ID. No.	Pep Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
105	463
106	464
	465
107	466
	467
	468
	469
108	470
	471
	472
109	473
	474
	475
110	476
	477
	478
111	479
	480
	481
112	482
	483
	484
	485
113	486
	487
	488
114	489
	490
	491
115	492
	493
	494
	495
116	496
	497
	498

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
117	499
	500
	501
118	502
	503
	504
119	505
	506
	507
120	508
	509
	510
121	511
	512
	513
122	514
	515
	516
123	517
	518
	519
124	520
	521
	522
125	523
	524
	525
126	526
	527
	528

Die erforderlichen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 142-528 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

- 5 (i) ANMELDER:
 (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
 (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
 (C) STADT: Berlin
 (E) LAND: Deutschland
10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
 (G) TELEFON: (030)-8413 1673
 (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15 (ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterustumorgewebe

 (iii) Anzahl der Sequenzen: 528

- 25 (iv) COMPUTER READABLE FORM:
 (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
 (B) COMPUTER: IBM PC compatible
 (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1234 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1046 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

25	tccggaaacgag ggatcactaa tcaacaaaacc agctttcggt gtctgacgcq atccctgcct	60
	caggcctctc gaggtccaga cagccgccc gccccctctg cgacgcagca gtgaatagtg	120
	tggtaacctcc ttgtctcggt tcagggtccag acctcccccgt ctcccggtctg ccctgaacgt	180
	caggcgcacct caggaccctg tgattggcgc ctgcgcggc ggaccgtgac cgaggaaacc	240
	cctggaggga cttgggcatt ctttgggctc cgtgcctgtt ctgcgtgtc ctttcggggc	300
30	aaggatctca cattatcagt ctttgaccga cacagaatgc ctggcatttg ataaatgttt	360
	gttgaacttg aagagacata tggacaatga atctgc当地 aactctggga gagataccaa	420
	tatcatcaag ccagaccaac agaagttctc tcgatttgct cccacgggag ttccgtctgg	480
	tggaagtcca tgaccaccc ctgcaccaac cctcagccaa caagccgaag ccccccacta	540
	tgctggacat cccctcagag ccatgttagtc tcaccatcca tacgattcag ttgattcagc	600
35	acaaccgacg tcttcgcaac cttattgcca cagtcaggc ccagaatcag cagcagacag	660
	aagggtgtaaa aactgaagag agtgaaccc ttcctctgt ccctgggtca ctcctctcc	720
	ctgatgacct cctgccttta gattgtaaa atcccaatgc accattccag atccggcaca	780
	gtgacccaga gagtgacttt tatacggtt aaggggaacc tggactgaa ctcagctggc	840
	actcctgtcg gcagctcctc taccaggca gtggcacaaa tcctggccaa cggcgggctt	900
	ttgactgtgc taatgagagt gtcctggaaag accctaactt gatgttggca catgagtatt	960
	ggccttaaag tttaccaaag tttgctgcgt tttgctgtt gagcgggaag cccgggtggg	1020
	agagacttcc ttttggccaa tgttat	1046

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 373 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSITIVE

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

cgaaggcaga gttcaacagg gatctttgt aaatgttcaa caagggccac aggagccatt 60
tattgaattt atccatcagt taacccaggc aattaagagc acacatggaa catcgaccat120
tccacgggta tctcgtataa ccctcaagga caagccatag tggAACGTTG cccattccac180
gctaaaaaat atgcTTTaaa aaaAGGGGGA atatgaataa ggacccttaca acactactag240
cacaagtgtt attcacccctt aatttcttaa atttagataa ttAAATTTCc aatcagccct300
agaaaagcac ttTGTCTTaa aacCTCCCCA ggtAGCAAGG ctTTcAGTGT ttTGGGAAGG360
tgTTAAATAGT atc 373

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1571 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

45	ctgctctggc	aaccaataga	agctaggaga	gggcggggac	aactgggtct	tttgccgctg	60
	cagcgggctt	gttaggtgtcc	ggctttgtcg	gcccagcaag	cctgataaagc	atgaagctct	120
	tatcttttgt	ggctgtggtc	gggtgtttgc	tggtgcccccc	agctgaagcc	aacaagagt	180
	ctgaagatat	ccgtgtcaaa	tgcacatgtc	caccttatag	aaacatcatgt	gggcacattt	240
	acaaccagaa	tgtatcccag	aaggactgca	actgcctgca	cgtgggtggag	cocatgc当地	300
	tgcctggcca	tgacgtggag	gcctactgcc	tgctgtgcga	gtgcaggtac	gaggagc当地	360
50	gaccaccacc	atcaagggtca	tcattgtcat	ctacactgtcc	gtgggtgggt	ccctgttgct	420
	ctacatggcc	ttcctgtatgc	tggtgaccc	tctgatccga	aagccggatg	catacactga	480
	gcaactgcac	aatgaggagg	agaatgagga	tgctcgctct	atggcagcag	ctgctgc当地	540
	cctcggggga	ccccgagcaa	acacagtcc	ggagcgtgtg	gaaggtgccc	agcagc当地	600
	gaagctgc当地	gtgcaggagc	agcggaaagac	agtcttcgat	cggcacaaga	tgctcagcta	660
55	atqqqctgg	tqtggttggg	tcaaggcccc	aacaccatgg	ctgccc当地	ccaggc当地	720

caaaggcaggg ggctact(ccctccctc gtttccagtc ttccctt aagcctgtgg 780
 cattttcctt ctttccccc aacttttagaa atgttgtact tggctatttt gattaggaa 840
 gagggatgtg gtctctgate tccgttgc tcttgggtct ttgggggtga agggaggggg 900
 5 aaggcaggcc agaagggaat ggagacattc gaggcggcct caggagtggta tgcatctgt 960
 ctctccctggc tccactcttcc gctctgagtc ttggaaatgt ttttaccctt1020
 ggaagataaaa gctgggtctt caggaactca gtgtctggaa ggaaagcatg gcccagcatt1080
 cagcatgtgt tctttctgc agtggttctt tatcaccacc tccctccag cccagcgcc1140
 tcagccccag ccccaagctcc agccctgagg acagctctga tgggagagct gggcccccgt1200
 10 agcccactgg gtettcaggg tgcacttgaa gctgggttgc gctgtccct gtgcacttct1260
 cgcaactgggg catggagtgc ccatgcatac tctgctgccg tcccccac ctgcacttga1320
 ggggtctggg cagtcctcc tctccccagt gtccacagtc actgagccag acgtcggtt1380
 ggaacatgag actcgaggct gagcgtggat ctgaacacca cagccctgt acttgggtt1440
 cctcttgc tgaacttcg ttgtaccagt gcatggagag aaaatttgt cctcttgc1500
 tagagttgtg tggaaatcaa ggaagccatc attaaattgt ttatattctc tccaaaaaaaa1560
 15 aaaaaaaaaa a 1571

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1789 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

agaccatgtt gaaaaaaatt ccaaaggaaag agcaagaaga gacgtctgca attcgagtgg 60
 gtttatcac atataacaaa gtttccatt tcttaatgt gaagagtaat ctggcccagc 120
 45 ctcagatgtt ggggttgact gatgttggag aagtctttgt tcctttgtt gatggttcc 180
 ttgtcaacta tcaagaatcc caatctgtga ttcataattt gttggaccag attccagaca 240
 tggctcacaatgaa aatgagactg tcttgcgtcc tgcattccag gctggcatgg 300
 aagactaaa ggcagcagac tggctctggaa agctgttcat ctccatct tccttgccaa 360
 ctgctgaagc accagggaaag ctcaaaaaca gagatgacaa aaaactgttt aatacagaca 420
 aagagaagat actttccag ccccaaaacaa atgtctatga ctcatggcc aaggactgct 480
 50 tggctcaccg gctgtctgt gacactttcc tgcattccata gtcagtatgt ggacgtggcc 540
 tgcgtggggc tggttccatca gtcacttggaa ggaaccctt acaaatacaa caatttccag 600
 atgcacttgg atagacaaca attttgaac gacccatgaa atgatattga aaagaaaata 660
 ggctttgtatgtt ctattatgag gtttgcgtacc agcacaggtt tgcattccat 720
 ggtggaatct tggatgacaa caccaccat gtagaaatgg ctgcattccat tttgtgacaag 780
 55 gcagtggaccg tggagttcaa gcacgttgc aaactcgtt aagacagtgg agcctaattc 840
 cagtgtgttgc tgcatttacac gacaatcgtt ggtcaaaagaa gacttcggat tcacaatctt 900
 ggcttaaact gcaagctctca gcttagctgtt ctttataaga gctgtgagac agatgtctt 960
 atcaacttc ttgccaagtc agttttaaa gcagttctcc accagccctt gaaggatgtcatc1020
 cggggaaatttccat tagttatca gactgcccattt atgttggcat gttaccggaa gaattgtgc1080

agtccttctg cagca ca gcttattcta ccagattcca tcaa tt gccagtgtac1140
 atgaatttgct tgtaaaaaa ctgtgtacta ctcacgcagac caga...ctc aactgtatgaa1200
 cgagcatacc agagacagct ggtcatgacc atgggtgtgg ctgactctca gctttcttc1260
 taaccacaaac ttctgcccat acacacgtt gatgtcaaga gtacaatgtt acctgctgca1320
 5 gttcggtgct ctgagtcgg tctttcagaa gaaggaatat tcttactggc taatggtcta1380
 cacatgttcc tgggttggg agtaaggcgc ccaccagaac tgatccaagg aatatttaat1440
 gtgccatctt ttgcacatata caacacagat atgacattgc tgcctgaagt gggaaaccc1500
 tactctcaac aactcagaat gataatgggt attatccaac aaaagaggcc atattcaatg1560
 10 aaagtcacaa ttgtaaagca gcgagaacaa ccagaaatgg tttccgaca gttcctggta1620
 gaagacaaaag gactttacgg aggcttttct tatgtggatt tccttttgt tggcacaag1680
 gagatctgtc agctgcttaa ttaattggaa actccccggg caatggaggt tgcgttgcca1740
 gggggggaaa agcccctttt tggggcccaa atttgccagg gggaaaaag 1789

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2361 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 20 (D) TOPOLOGIE: linear

 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

 (vi) HERKUNFT:
 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

gggccagccg gctcgcccg gggccatggc agcagcggct actgcagccg agggggtccc 60
 cagtcggggg cctccgggg aagtcatcca tctgaatgtg ggaggcaaga gattcagtagc 120
 ctctcgccag actctcacct ggatccaga ctccttctc tccagtctc tgagcggacg 180
 catctcgacg ctgaaagatg agaccggagc aatcttcatc gacagggacc ctacagtctt 240
 cgccccccatc ctcaacttcc tgcgcaccaa agagttggat cccaggggtg tccacggttc 300
 cagcctccctc catgaagccc agttctatgg gctcactcct ctgggtcgct gcctgcagct 360
 tcgagaggag ttggatcgat cttcttgtgg aaacgtccct ttcaatgggtt acctgccc 420
 45 accagtgttc ccagtgaagc ggcggaaaccg gcacagccctt gtggggcctc agcagctagg 480
 aggacggcca gccccgtcc gacggagcaa cacgatgccc cccaaaccttgc gcaatgcagg 540
 gctgctggc cgaatgctgg atgagaaaac ccctccctca ccctcaggac aacctgagga 600
 gcccgggatg gtgcgcctgg tgtgtggaca ccataattgg atcgctgtgg cctataaccca 660
 gtttcttagtc tgctacaggt tgaaggaagc ctctggcggg cagctgggtt tttccagccc 720
 50 cccgcctggac tggcccatgc gaacgactgg cgcttcacag cccgggtgca tggggggct 780
 ttgggtgaac atgacaagat ggtggcagca gccaccggca gggagatctt gctatggct 840
 ctgcaggcgg aaggcggtgg ctccgagata ggggtttc atctgggggt gcctgtggag 900
 gccttggct tcgtcggaa ccagctcatt gctacaagcc acacaggcgc catcggggtg 960
 tggaatgcgg tcaccaagca ctggcaggc caggaggtgc agcccatcac cagttatgac1020
 55 gcggcaggtt ctttccttctt cctgggtcgc aacaacggct ccatttacta cgtggatgtg1080
 cagaagttcc ctttgcgcatt gaaagacaac gaccccttgc tcagcggatctt ctatcggac1140
 ccagcggagg atggggtcac cggccctca gtttacactt cccccaagac cagtgacagtc1200
 gggaaactgga tcgagatcgat cttatggcacc agctcagggg gcgtgcgggtt catcgtgcag1260

caccggaga ctgtggg jgggcctcaag ctcttcaga cttcac gcaccgcagc1320
 cctgtcacca agatcatgca gtcggagaag cacccatct cagtctgtgc cgacaacaac1380
 cacgtcgga catggctgt gactcgcttc cgccgatga tttccaccca gcccggctcc1440
 accccactcg cttccttaa gatcctggct ctggagtcgg cagatggca tggcggtgc1500
 5 agtgctggca atgacattgg cccctacggt gagcgggacg accagcaagt gttcatccag1560
 aagggtggc ccagtgccag ccagctttc gtgcgtctc catctactgg gcagcgggtg1620
 tgctccgtgc gctccgtggc cggctcacc acgacagcct tcacagtgc ggagtgcgag1680
 ggctccggc ggctcggtc tcggccccgg cgctacgtc tcactggcca gccaaacggc1740
 agcttggcca tgtggaccc aaccaccggc atggacggcc tcggccaggc ccctgcagg1800
 10 ggctgacgg agcaagagct gatggAACAG ctggAACACT gtgagctggc cccggccgt1860
 cttcagctc cctcatgggg ctgtctcccc agccctcac cccgcacatc ctcacccagc1920
 ctccactca gctccagcaa caccccttg tctggccacc gtgggagccc aagccccccg1980
 caggctgagg cccggcggcc tggtgggggc agcttgtgg aacgctgcca ggaactggtg2040
 cgagtgggc cagacccctcc acggccaccc acaccagccc cgtggccctc cagcggctc2100
 15 ggcactcccc tcacacccctca caagatgaag ctcaatgaaa cttcctttt aacaacgcag2160
 ctgccatgat gccttggat gcccctggtc tggggactc aggtgcctcc ctgattcctg2220
 tggaaccccc gggttcaggg ccagggccctc cttggataaa atggttattt ttacttaggtc2280
 cccacccccc ctctttctg gaagccaaag tcaccctccc caataaaagtc ctcactgcca2340
 aaaaaaaaaaaaaaaa acc 2361

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1638 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

45

ggctgcccggat ttgcggaa atcccgaaag tgacagctt gggggtttgc tgctggctct 60
 gactcccgctc ctgcgtatggg ttgcgacggg ggaacaatcc ccaagaggca tgaactggtg 120
 aaggggccga agaagggtga gaagggtcggc aaagatgtgc aatttagtggc ccaatggAAC 180
 tattgtactc taagtccggaa aatattaaga cgaccaatag ttgcctgtga acttggcaga 240
 ctttataaca aagatggccgt cattgaattt ctcttggaca aatctgcaga aaaggcttt 300

50

gggaaaggcag catctcacat taaaaggcatt aagaatgtga cagagctgaa gctttctgat 360
 aatccctgcct gggaaaggggaa taaaggaaac actaaagggtg acaagcacga tgacccatcag 420
 cggggccgtt tcattctggcc ctggatggatgc acggccgaca cagggtctgc 480
 ttcccttcgggt gctggccgtg tggatggatgc gaggatgtgc tcatctgtgc caatggcacc 540
 gtttgccaca cgtgtggggc tgccttcggaa gaggatgtgc tcatctgtgc caatggcacc 600
 aaggaggatg tggacgtgtc gaagacaagg atggaggaga qaaggctgag agcgaattgg 660
 aaaagaaaaac aaagaaaaccc aaggcagcag agtctgtttc aaaaccatgtc gtcagtgaag 720
 aagccccagg gccatcaaaa gttaaagacag ggaagcctga agaagccagc cttgattcta 780
 gagagaaaaa aaccaacttg gtcctccaaa qcacagcaat gaatgagagc tcttctggaa 840

aagctggaa gcctd...gt ggagccacaa agaggccat cgct...gt gaagaatcg 900
 agcctacaa gtccttaccactaca gctccgcaa gcgc...ag gaggagtctg 960
 cccactgggt cacccacacg tcctactgct tctgaagccc gca...ctgccc1020
 ccagaaggta gtttagttc cacgtaggca ggtcgctttg tgcctctgag tgcgtctg1080
 5 tgcgttctct ctatagttct gtgtcataaa gctgtcctgg ca...gcttc agctgggtg1140
 gccactcttg atgtgaggcg tgcgttcc agggggaca tgggggggc tg...cacatgg1200
 cccgaggtca tgcttgcctt cacctgcagg tgcatttgtt ctttccatg gcca...gaaagc1260
 cctgtgggt gcactttta tgcttgact aacaagagac tccagatcc tcaccgggtgc1320
 agagttggca catattaatt aactaaaatt ctaatgtatct tgc...taccagc aataaatcaal380
 10 gtaggccaag tgaaactggg cttaaaaag gatggatttc aaatacactg tgccactag1440
 aagcttcgaa gggctcgta cctctgtac agccctggga ggagccagga tccttgg1500
 tctagctaa tactgttagg ggagtgtgcc ccatctcatc atttcgaaga tagcagagtcl560
 atagttgggc acccggtgat tgggttcaaa aataaagctg gtctgcctct tcaaaaaaaaa1620
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1638

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

- (A) LÄNGE: 1034 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

cgcctgcgcg ctgaatgcgt gccgctccgc cgaccgaaga ggctggacat gacaccagtg 60
 gcatatcacg gccatgggt ctcagcatc cgctgctgct cgcccctcct cctgcaggcg 120
 aaagcaagaa gatgacaggg acggtttgct ggctgaacga gagcaggaag aagccattgc 180
 tcagttccca tatgtggat tcaccggag agatagcatc acctgtctca cgtgccagg 240
 45 gacaggctac attccaacag agcaagtaaa tgagttggtg gctttgatcc cacacagtga 300
 tcagagatttgc cgcctcagc gaactaagca atatgtccctc ctgtccatcc tgctttgtct 360
 cctggcatct gttttgggtgg ttttcttccct gttccgcattc tca...tgcatttgc 420
 cggcatcaaa gtggtaaaag tcacattaa taagcaagac tcccttgcatttca ttctcaccat 480
 catggccacc ctgaaaatca ggaactccaa ctcttacacg gtggcagtga ccagcctgtc 540
 50 cagccagatt cagtagatca acacagtggt gaattttacc ggaaaggccg agatgggagg 600
 accgtttcc tatgtgtact tcttctgcac ggtacctgag atcctgggtgc acaacatagt 660
 gatcttcatc cgaacttcag tgaagatttc atacattggc ctcattgcacc agagctcctt 720
 ggagacacat cactatgtgg attgtggagg aaattccaca gctatttaac aactgtctatt 780
 ggttcttcca cacagcgcct gttagaagaga gcacagcata tggcccaag gcctgagttc 840
 55 tgggacctac cccacgtgg gtgttaaggc agagggaaagg aattgggtca cttaacttc 900
 ccaggcaaac attcttcctg gccactttagg gagggaaaca cttcccttat gggttaccat 960
 ttgttgggttgc ttcaggaacc aggcggattc agttgcctag gcgtgttgc ccagcaattt1020
 gtttggcat tgca 1034

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 947 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

cgaggccctg gcatgtgcaa agagtactga gtgggattcc cagcaggata ccatcaagta 60
 ctacaccatg cacctgacca cattgtgcaa cacgtgattg gacaacccaa cccagagaaa120
 caaggatca gatggatccc ctgatccggg cagccgtgaa gtttctggac accgacacca tctgctacag180
 ggtggaggag cccgagacat tagtggact tcaaaggaat gagtgggatc caatcatcga240
 atgggcttag aaaaqatacg gcgtggagat cagtcctcc accagcataa tggacccag300
 catccctgcc aaaaactccggg aggtgctcgt cagccacctg gcatcttaca acacatgggc360
 ttatccaaggg attgagttt tagctgccca gctcaagtcc atggtctaa ccttgggcct420
 gattgacctg cgcctgacag tggagcaggc cgtgctgctg tcacgcctgg aggaggatg480
 ccagatccag aagtggggca acattgagtg ggccatgac tatgagctgc aggagctgcg540
 gccccgcacc gcccgggca ccctttcat ccattctgc tccgagagca ccacagtcaa600
 gcacaagctc ctgaaggagt gaggcctggg cagacacac tcagcaggat agaggcagtg660
 cagccacagc tccccggcc ttcaaggctc cccagcctgt ggggctggct tccttggctt720
 ttggggactc ggcctcagcg tcaccctgag atttttttttt agacacatg cgctagtacg780
 gctgtccgga ggtcagcctg atttcaaccc aggtccccct ggcctggcca gcaatgatg840
 taggatgatg attgtgcaag tgactttctc tcgactctga ttttattaaa tatttctcca900
 ccctggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 947

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 497 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

15 ctcgtggcga gagactgaga taaaagagca actcaactgaa cacctttgta cgatcataca 60
 gcaaaatgag ctccgaaagg ccaagaagg ggaggagtt atgcaacaac tagatgtaga120
 agccgatgaa gagactttgg agctttaggt ggaggtcgag agattgtcac acgacaacaagg180
 agtagaatca aggagaccag tggttcggtt agagaggcca tttcagccctg cggaggagag240
 tgtgacatta gaatttgcta aagagaacag aaagtgtcaa gaacaagctg tttccccaaa300
 ggttagatgac cagtgtggaa attccagtag catcccctt cttagtc当地 actgccc4360
 20 tcaagaaggt aatgacattt cagctgctt ggccacatga agttctggta ttctttgag420
 ctaalatgyt attgagtaaa gtatacttt tgcaatgat catgccctga cctccaataa480
 aaacctcttt aaaacaa 497

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 269 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

50 cggggagagg tgggctgggc tgcaggtcct ggcgttgtgc tggatcatcg cgcccgtaact 60
 ctgaagttt ctccgtggcg ctccctgaga ggggttcctc ctgcattctg agaatatttt120
 gcatttcggc tcccttcctt tctcgctgcc atcggatgcc ccaaataagg cctgtccct180
 cggtaatca gacttcggaa accgcctcgc ttcaagggtca gagtccaagt acagatgagc240
 ttgagaggga ttctgaaatg caacggccc 269

(2) INFORMATION UNDER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1717 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

25	attcttaggac caacactcct gtggagacgt ggaaagggttc caaaggcaaa cagtcctata cctacatcaa tgaggagaac actaccacga gcttcacctg ggccttccag agaccactt 120 ttcatgaggc aagcaggaag tacaccaatq acgttgccaa gatctactcc atcaatgtca 180 ccaatgttaa gaatggcgtg gcctcctact gccgtccctg tgccctagaa gcctctgatg 240 tgggctccct ctgcacccct tgcctctgt gttactatata tgaccgagat tcaggaacct 300 gccactcctg cccccctaac acaattctga aagcccacca gccttatggt gtcaggcgcc 360 gtgtgcctg tggtccaggg accaagaaca acaagatcca ctctctgtgc tacaatgatt 420 gcacccctcc acgcaacact ccaaccagga cttcaacta caacttctcc gcttggcaa 480 acaccgtcac tcttgctgga gggcaagct tcacttccaa agggttgaaa tacttccatc 540 actttacccct cagtctctgt gggaaaccagg gtaggaaaat gtctgtgtgc accgacaatg 600 tcactgaccc ctggattcct gagggtgaggt cagggttctc caaatctatc acagcctacg 660 tctgccaggc agtcatcatc cccccagagg tgacaggcta caaggccggg gtttcctcac 720 agcctgtcag ccttgctgat cgacttattg gggtgacaac agatatgact ctggatggaa 780 tcacccctcc agctgaacctt ttccacccctgg agtccttggg aataccggac gtatcttct 840 tttatagtc caatgatgtg acccagtcct gcagttctgg gagatcaacc accatccgcg 900 tcaggtgcag tccacagaaa actgtccctg gaagtttgct gctgcccaggaa acgtgtca 960 atgggacccctg tgatggctgc aacttccact tcctgtggg gagcgcggct gttgcccgc 1020 tctgctcaat ggtgactac catgtatcg tcagcagctg tgtggctggg atccagaaga 1080 ctacttacgt gtggcgagaa cccaaagctat gctctggg catttctctg cttgagcaga 1140 gagtcaccat ctgaaaaacc atagatttct ggctgaaagt gggcatctct gcagggcacct 1200 gtactgccccat cctgctcacc gtcttgaccc gctacttttggaaaaaa gaaaaaaat caaaaactag 1260 agtacaaatgat ctccaaagctg gtgtatgaaatg ctactctcaa ggactgtgac ctgcaggcag 1320 ctgacagctg cgccatcatg gaaggcgagg atgtagagga cgacccatc tttaccagca 1380 agaagtcact ctttggaaag atcaaatcat ttacccctt gaggactctt gatggatttg 1440 actcagtgcc gctgaagaca tcctcaggag gcccagacat ggacccgtgaa gaggcactgc 1500 ctgcctcacc tgccctccca ctttgcatag cacctttgca agcctgcggc gatttgggtg 1560 ccagcatccct gcaacacccca ctgctggaaa tcttttccatt gttggcctt cagatgttg 1620 aatttcagat cttttttat agagtacccca aaccctccct tctgcttgcc tcaaaccctgc 1680 caaataacc cacactttgtt ttgtaaatta aaaaaaa 1717
----	--

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 9 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- #### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

25

ggcagaggta	ttacctgaaa	acttaaaaga	aggcctgaag	aatcttcct	ggagttcatt	60
accatgtact	aaaaacagac	cttttgcattt	tcattcagt	atgaaagagt	ctcagtctct	120
caatgaacct	agcccaaagc	agagtgaaga	aataccagag	gtcacttcag	agcctgtcaa	180
aggaagctta	aaccgtgctc	agtccgcaca	gtctataaat	tcaacagaaa	tgcctgcca	240
agaggactgt	ttgaaaaaaag	agtgcctca	gaacctgttc	tgtcagttca	agaaaaaggt	300
gttctgtga	aaagaaaagt	gtctctttt	gaacaggatg	tgattgtaaa	tgaagatgga	360
agaaaataagc	tgaaaaaaaca	aggagaaaact	cccaatgaag	tctgtatgtt	ttcccttagct	420
tatggtgata	ttccagaaga	attaatcgat	gtctcagatt	tcgagtttc	tctctgcatt	480
aggttgtttt	ttgagccagt	aacaaccctt	tgcggacatt	cgttctgtaa	gaatttgtctt	540
gagcgttgtt	tagatcatgc	accatattgt	cctctttgca	aagaaaagctt	aaaagagtat	600
ctagcagata	ggaggtactg	tgtcacacag	ctgttggaa	gaattaatag	tgaagtatct	660
gcctgtatgaa	ctgtctgaga	aaaaaaaaat	atatgtatgaa	gaaactgctg	aactctcaca	720
cttgaccaag	aatgttccaa	tatttttttgc	cactatggcc	taccccaactg	tgccttgccc	780
tctccatgtt	tttgagccaa	gatacagatt	gatgattcga	agaagtatac	agactggaa	840
caaacagttt	ggcatgtgt	tcagtgtatac	acaaaaatagt	tttgcagatt	atggttgtat	900
gttacaaatt	agaaaacgtgc	atttcttacc	ggacggaa	tctgtggtt	atacagttgg	960
aggaaaagcgg	tttagggttt	taaaaagagg	aatgaaagat	ggatattgc	ctgcccacat	1020
tgaatatctt	gaagatgtt	aggttgagaa	tgaagatgag	attaagaatc	tcaagagact	1080
tcatgatttgc	gtttactctc	aagcctgcag	ctggtttcag	aatttaagag	acagatttcg	1140
aagccaaatt	cttcagcatt	tcggatcaat	gcccgagagg	agggaaaacc	ttcaggcagc	1200
ccctaatttgc	cctgcattgtt	gttggggct	tcttgcagtt	ctccctgtag	acccacgata	1260
ccagctgtcg	gttttgtcaa	tgaagtcttt	gaaagaacgg	ttgaccaaga	tacagcatat	1320
actgacccat	ttttctagag	accaattcta	agtaactaac	tctttggat	ttcccccttgc	1380
aaagtqacc	cctaattctt	gggctgccc	ttggttggg			1419

30

35

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

 - (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

15 agcgcggtaa agcgggggtg ggatctgaac atggccggcg tggtagctgc tacggcgctg 60
 aaggggccggg gggcgagaaa tgcccgcg tcggggggaa ttctcgcaagg agccacagct120
 aacaaggctt ctcataaacag gaccggggcc ctgcaaaagcc acagctcccc agagggcaag180
 gagggAACCTG aaccctatac cccggagctg gaatacattc ccagaaaagag gggcaagaac240
 cccatgaaaag ctgtggact gcctggggcc atcggtttcc cttgtggtat cctcctttc300
 atcctcacca agcggaaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaagc tcggcagaac360
 atgcgggttg ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggtctc ctcccagagt420
 gccccgtccc ctgatgttgg gtctggggtg cagacctgag gagcgctgc acccctcttag480
 gctattgact gttaaatgttcc cagggttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
 ccagagggcg catgaagccc aggctgttgc caaaccctac cctgccccac accaaggagc600
 ccaccaaagg caaataaaagt tattgagtgt ttagtagaaa gaaaaaaaaaaaaaaa660
 aaaagtgcac c 671

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 524 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID:14

55 aagtgttctc agatgctgtat gtttgtaagg tcccggtggg gccatgagga agaagaggag 60
 ctgaaggtaa gagactcata aacaagatga ctcttgcgtat catgaacaag atttggaaat120
 ctcaagccctg taaagaatac ccctgttatt taaataaagc tcataccaag aggttaacatt180
 ttggcccccggg ccaaattcaq gggctcaqg ccctgcattc ctttgaggca aaaaataaaat240

5 gggctatgac tggttg tgc tccaaaaggtaattctcat ttcaaa caaagacaga 300
 tttgcgcatt cactcgttgcgaatgtggccatgaatattc agccat gca tacataaaaa 360
 gatgtacgca tgattcccccaccaagcac acacacagtc acacacgcac acacacacac 420
 atgcacacac ggcgtgcac acacggacac atgcacacac acacgcacac gtaaacat 480
 10 gcacacatgc acacacgtgc acacatgcac acacggacac actt 524

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 345 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (v) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vi) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

40 aaactttctt tctacaaaaa atcaaaagct tagctgatag atcataaaa tagattatga 60
 acagtgaard tcctgagaag gctgaaagt cggggAACCA aagcagggga gattagcctt 120
 agtccggagg agggagaagc agatgaaatg cagcagcctg cttgttttt acgtgtataata 180
 tttaaatttg caaattgtat tacaggaggg cctactttct gtttttatca agagtttttc 240
 ttttgttcaa agacactgg tatggaaata ttttggaaagg gtaagaaacg ctggataaa 300
 aagggtgttgc agattaattt tgaaggcct tacggAACCA gtccc 345

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1060 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (v) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

10	ggcgggtcccc ggcaggccca gaagctggc agcctctgcc gggttccggg aaaaggagct 60 cctgctgccca ctgctcttcc ggagcctgca gcatggggcc cctgccgcgc accgtggagc 120 tcttctatga cgtgcgtgtcc ccctactct ggctgggctt cgagatcctg tgccgtatc 180 agaatatctg gaacatcaac ctgcagttgc ggcccagcct cataacaggg atcatgaaag 240 acagtggaaa caagcctcca ggtctgttc cccgaaagg actatacatg gcaaatgact 300 taaagctcct gagacaccat ctccagattc ccattccactt ccccaagat ttcttgtctg 360
15	tgtatgcttga aaaagaagt ttgtctgccca tgccgttccct caccggcgctg aacttggagc 420 atccagagat gctggagaaa gctgcccggg agctgtggat ggcgtctgg tcaaggaatg 480 aagacatcac cgagccgcag agcatcctgg cggctgcaga gaaggctggat atgtctgcag 540 aacaagccca gggacttctg gaaaagatcg caacgcctaa ggtgaagaac cagctcaagg 600 agaccactga ggcagcctgc agatacggag ccttgggct gcccattcacc gtggccatg 660
20	tggatggcca aaccacatg ttatggct ctgaccggat ggagctgtg ggcacatgc 720 tgggagagaa gtggatggc cctatacctc cagccgtgaa tgccagactt taagattgcc 780 cggaggaagc aaactcttgc tataaaaaaa gcagccatc tgcttaaccc ttggctccac 840 cataaggcac tggactcgg atttctctat ctgatagagg tattttctgt ggcctggga 900 gctgtctgtc ttcccttac ccccaaggat gccaggaaga cgtccaccat tagccatgtg 960
25	gcaaccttta cttctatgcc tcacaagtgc ctttcagaga gccccattc tgcttccca 1020 caaaataaaac ctaatgccat caggcaaaaa aaaaaaaaaa 1060

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

30	(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1721 Basenpaare (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
----	---

35	(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
----	--

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:
----	--

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

55	ctctctctct ttctgtctct tcctcgctcc ctctttct ctccctccctc tgccctccca 60 gtgcataaaag tctctgtcgc tccccggact tggtggcaat gccttatttt tggcttccca 120 ccgcgttctc taaaactaact atttaaaggat ctgcgggtcgc aatggtttg actaaacgta 180 ggatgggact taagtqaac ggcaagatata tttcactgtat cctcgccgtg caaataqcg 240 atctggtgca ggccgtgaga gcagcgggca agtgcgtatgc ggtttcaag ggctttcg 300
----	--

actgtttgct caag, jgc gacacatggc caactaccg cag, wga cgacaagacg 360
 aacatcaaga ccgtgcac atactggag gattccaca gctgcggcac 420
 acggattgcc aggaaggggc gaaagatatg tggataaac tgaaaaaaa 480
 5 ctcacatcc aaggcagctt attcgaactc tgccgcagcg gcaacggggc ggcggggc 540
 ctgctcccg cgccccggc gctccctgtc tctctctcg cagcttttagc gacctggc 600
 tccttctgag cgtggggcca gctccccccg cgccccacc cacactact ccatgctccc 660
 gaaaaatcgag aggaagatcc attagttctt tggggacgtt gtgattctct gtgatgctg 720
 aaacactcat ataggattgt gggaaatccct gattctctt ttatccgt ttgatttctt 780
 gtgtttatt tgccaaatgt taccaatcg tgagcaagca agcacagcca aaatcgacc 840
 10 tcagctttag tccgtcttca cacacaata agaaaacggc aaacccaccc catttttaa 900
 ttttatttattt attaattttt tttgttgca aaagaatctc aggaacggcc ctgggccacc 960
 tactatatta atcatgctag taacatgaaa aatgatgggc tcctcctaattt aggaaggcg 1020
 ggagaggaga aggccagggg aatgaattca agagagatgt ccacggacga aacatacgg 1080
 15 gaataattca cgctcacgtc gttcttccac agtatctgt tttgatcatt tccactgcac 1140
 atttctccctc aagaaaagcg aaaggacaga ctgttggc ttgttggga ggataggagg 1200
 gagagaggga agggctgag gaaatctcg ggttaagagt aaaggcttc agaagacatg 1260
 ctgctatggc cactgagggg ttagctttagt ctgtgttgc tgatgcattt gtcagttc 1320
 actgccttta tttccctcc tccctctgt ttagctgtt acacacacag taatacctg 1380
 20 atatccaacg gtatagatca caaggggggg atgttaatgt ttaatctaaa atatacgtaa 1440
 aaaaagattt tgacataaaaa ggccttgat ttaaaaaaaaa aaagagagag agatgtatt 1500
 taaaaagttt attataaattt aaattcagca aaaaaagatt tgctacaaag tatagagaag 1560
 tataaaataa aagtatttgtt ttgaaaaaaaaa agtgtcggtt gttccattt ccaacctg 1620
 ttcttgaccc agttctcagg gAACCTGAAG ggacacagga tgccgggtgat aagctcac 1680
 25 ttccaggaag ccgcctcaag cagacctgca accttcaagc a 1721

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
- 30 (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
35 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

50 accctgttgtt cccgggtttc tgcaagatct acttcagaag cggaggcact gggagtccgg 60
 tttgggattt ccaggctgtg gttgtgagtc tggatgttgc agcggctgtg gcgcggcaac 120
 tcttcgcccac catatcatcc cggcaggcga taaactacat tcagttgatg ctgcaagact 180
 gggaggaact ggggtgatataa gaaatctatt cactgtcaag gtttattgaa gtcaaaaatgt 240
 caaaaaaaaat cagttggcggt tctgtgttag agatgcagg agatgaaatg acacgaatca 300
 55 tttgggaattt gattaaagag aaactcattt ttccctacgt ggaattggat ctacatagct 360
 atgattttagg catagagaat cgtgtatgcca ccaacgacca agtcaccaag gatgctgcag 420
 aagctataaa gaagcataat gttggcgatca aatgtgccac tattacttctt gatgagaaga 480
 gggtttgagga gttcaagttt gaaacaaatgt gggaaatcacc aaatggcacc atacgaaata 540

ttctgggtgg cacggta agagaagcca ttatctgaa aaataat cggtttgtga 600
 gtggatgggt aaaacctt atcataggc gtcatgcta tggggatcaa tacagagcaa 660
 ctgattttgt tgccctggg cctggaaaag tagagataac ctacacacca agtgacggaa 720
 cccaaaaggt gacataacctg gtacataact ttgaagaagg tgggtgttt gccatgggaa 780
 5 tgataaatca agataagtca attgaagatt ttgcacacag ttcccttccaa atggctctgt 840
 ctaagggttg gccttgtat ctgagcacca aaaacactat tctgaagaaa tatgatggc 900
 gtttaaaga catcttcag gagatatacg acaagcagta caagtcccag tttgaagctc 960
 aaaagatctg gtatgagcat aggctcatcg acgacatggt ggcccaagct atgaaatcagl020
 agggaggctt catctggcs tgtaaaaaact atgatggtga cgtgcagtgc gactctgtgg1080
 10 cccaagggtt tggctctetc ggcacatgtt ccagcgtgct gtttgcacca gatggcaagal140
 cagttagaagc agaggctgcc cacgggactg taaccgtca ctaccgtatg taccagaaagl200
 gacaggagac gtccaccaat cccattgtt ccattttgc ctggaccaga gggtagcccl260
 acagagcaaa gcttataaac aataaagagc ttgccttctt tgcaaatgtt ttgaaagaagl320
 tctctattga gacaatttgg gctggctca tgaccaagga ttggctgtt tgcatattaaagl380
 15 gtttacccaa tggcaacgt tctgactact tgaatacatt tgagttcatg gataaacttgi440
 gagaaaaactt gaagatcaaa ctagctcagg ccaaacttta agttcataacc tgagctaagl500
 aggataatttgc tctttggta acttaggtcta caggtttaca tttttctgtt ttacactcaal560
 ggataaaaggc aaaatcaatt ttgttaatttgc tttagaagcc agagtttatac ttttctataal620
 gtttacagcc ttttcttat atatacatttgc attggccaccc ttgtgaacat ggcaagggacl680
 20 ttttttacaa ttttttattttt atttttcttagt accagcctag gaattcggtt agtactcatt1740
 tgtatttact gtcactttttt ctcatgttct aattataaaat gaccaaaatc aagattgctcl800
 aaaagggtaa atgatagcca cagtattgtt ccctaaaata tgcataaaatg agaaattcacl860
 tgcctcccccc tcctgtccat gaccttggc acagggaaat tctgggtgtca tagatatccc1920
 gttttgttagt gtaqagctgt qcattaaact tgcacatgac tggAACGAAG tatgagtgc1980
 actcaaatgtt gttgaagata ctgcagttcat ttttgttaaaat accttgcgtt atgtttccaa2040
 tagactaaat actgttttagg ccgcaggaga gtttggaaatc cgaaataaat actaccttggaa2100
 ggtttgcctt ctccattttt ctctttctcc tcctggcctg gcctgaatat tataactactc2160
 taaatagcat atttcatcca aqgtcaataa tgtaagctgtt atcttttttgc gacttctgtt2220
 ggcctgtttt atttcttttataaaatgtt atttctcaga aattgtatattt aaacactatc2280
 30 ttatcttctc ctgaactgtt gattttaaattt aaaattaatg gctaattacc attaaaaaaaa2340
 aaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaaaaaa 2367

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1321 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

cctggaaaca agatccaaac ccaagtggacc ccggccggaaa gtgacccagt caggttaaa 60
 aattccaaaca aaccgacgtg aacaaataga ccgaccaacc aaatatacaa tccgtcaaaa 120

tacattcact tccat ... ga aaccccaaca aagggtgtga atgg ... tcc aggagagacg 180
 gttttggttt catcaaytgt gtggatcgat atgttcgtat gttca ... cac ttcagtgaaa 240
 ttctggatgg gaaccagctc catattcgag atgaagtaga gtttactgtg gttcctgata 300
 tgctctctgc tcaaagaaat catgtatata ggattaaaaa acttcccaag ggcacgggtt 360
 5 catttcattc ccattcagat caccgtttc tgggcacgg agaaaaaagaa gccactttt 420
 ccaatctaa aaccactagc ccaaataaaag gcaaagagaa ggaggctgag gatggcatta 480
 ttgcttatga tgactgtggg gtgaaactga ctattgctt tcaagccaq gatgtgaaq 540
 gatctacttc tcctcaaata ggagataagg ttgaatttag tattagtqac aaacagaggc 600
 ctggacagca gggttcaact tgggtgcac ttttaggtcg taattctaac tccaagaggc 660
 10 ttttgggtt tggcaact ctgaaggata attttgatt tattgaaaca gccaatcatg 720
 ataaggaaat cttttccat tacagtgaat tctctggta tggatagc ctggactgg 780
 gggacatggg cgagtataqc ttgtccaaag gcaaaggca caaagtcaq gcagaaaaag 840
 tgaacaaaac acactcagtg aatggcatta ctgaggaagc tgatcccacc atttactctg 900
 gcaaagtaat tcgccccctg aggagtgtg atccacaca gactgagtaq caaggaatga 960
 15 ttgagattgt ggaggaggc gatatgaaaag gtgaggtcta tccatttggc atcgttggg 1020
 tggccaaacaa aggggattgc ctgcagaaag gggagagcgt caagttccaa ttgtgtgtcc 1080
 tggccaaaaa tgcacaaact atggcttaca acatcacacc cctgcgcagg gcccacagtgg 1140
 aatgtgtgaa agatcagtggt ggcttcatta actatgaaat aggagatagc aagaagctct 1200
 tttccatgt gaaagaagtt caggatggca ttgagctaca ggcaggagat gaggtggagt 1260
 20 tctcagtgtat tcctaagagt tcaggcggac tggcagggtc aggccctgt agatgtttg 1320
 g 1321

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 384 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:20

ggtcgaatcc aaatcactca ttgtgaaagc tgagtcaca gccgaataag ccaccatgag 60
 gctgtcagtg tgcctcgtt ggtctcgat ggcctttgc tgctaccagg cccatgctct 120
 50 tgcctgccc gctgttgc ttgatcaca agtcttctt ttcttaagtg acgctgcgg 180
 aaacctccaa gttgccaac ttaatccacc tccagaagct cttgcagcca agttggaaat 240
 gaagcactgc accgatcaga tatctttaa gaaacggctt ctcatttcaa aaagtccctgg 300
 gtggaaatag tgaaaaatg tgggtgtgtg acatgtaaaa atgctcaacc tggtttcca 360
 aagtctttc aacgcaacc tgat 384

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 367 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

gggcactgg ggtccgggttc ctcaccaaac gattcatcg tgactatgaa agaaatgcag 60
 25 gtaatctcta tactagacaa gttcagatag aaggtaaac cctggcttt caggttcaagl20
 acactccagg tattcaggc catgagaaca gcctgagctg cagtgaacag ctgaataggt180
 gcattcgctg ggcagatgct gtggtgatcg ttttctccat cactgactac aagagctatg240
 aactcatca gccagtcac cagcacgtgc agcaactaca ccttgggac ccggctgcct300
 30 aactcatca gccagtcac cagcacgtgc agcaactaca ccttgggac ccggctgcct360
 gtgggtggc gtggggcaac aaaagtgacc tggcatacat caaacaggtt gaccctcagc367
 ttggact

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2621 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-ABSCHEIBUNG: SEQ ID NO: 22

	gggccttgc ccgccttgc ggccggctct acgttccctg ttctcgccctg cagctccgccc 60
5	atggctcta aaggcagctc caaacagcag tctgaggagg acctgctcct gcaggatttc 120
	agccgcaatc tctcgccaa gtccctccgct ctcttcttcg gaaacgcgtt catcggtct 180
	gccatccccca tctggttata ctggcgaata tggcatatgg atcttattca gtctgttgt 240
	ttgtatagtg tgatgaccct agtaagcaca tatttggtag ccttgcata caagaatgtg 300
	aaatttggtc tcaagcacaa agtagcacag aagagggagg atgctgttc caaaagaagtg 360
10	actcgaaaaac tttctqaagc tgataataga aagatgtctc ggaaggagaa agatgaaaga 420
	atcttgtqga agaagaatga agttgctgat tatgaagcta caacatttc catcttctat 480
	aacaacactc tgttcctggt cggtgtcatt gttgttctt tcttcattt gaagaacttc 540
	aaccccacag tgaactacat attgtccata agtgcctcat caggactcat cggccctcctg 600
	tctactggct ccaaataagac catgtcagct tcacccctg gctttgtgtc tatgggtggc 660
	ctgtggtata tggaaaagta gcagggtggt cagggtgga gacacaagat gttttatag 720
15	tctagagcct ttaaaaaacc cagcagaatg taattcagta tttgttatt ggctgttttt 780
	tgacagattg ttgaaaattaa atgaattgaa aggaaactc agagtactag gacgtttatt 840
	aaaaggaaaa aaatgtctg caatgtqctg taatcacaag aggagaaaaat aacttgtttc 900
	cttgatctgt cagaggtcac agtaacctgg gccgagctgt tattatttat tatataatag 960
20	tagtaggaag ttaataactg gttctctgtc ttccaagcac aatattacaa ctcttttgat 1020
	accgtaaata tcagaatgaa tcctcttccc aggggattga acagaagctt aatgtttaca 1080
	agtgtttgaa ttgtgtatct gaaataacac aaaattaaaa acatgatttc tctaattttc 1140
	caactagagg aagagaaaact tggaaaaag ttctttttt ttcgtttttt ttctttaaag 1200
	aagggcagcc aaggtgtaa cctaaaaata gtgcccaggc atatg3aggt tgcctacgat 1260
	qqttaaaqaa cacactqttc cactqtagtq cttqqccct qaqtqccca qqaqgtcaac 1320
	ttgaccctgc catgtgggt tgacttacta agacacagga atcattgttt tccttgaccal 1380
	gggtctcaca ccctggagga atgttaagta agagaaaagaa cctctttctt gaatattgac 1440
	atgtaaaaga ccaaagtaat tttctgaac ttctgcaatt ctgagaactc tccaaggaaat 1500
	ttacagtgtat ttttagtgctt gtcagcattt ttccatgagg actttcatac atttgactct 1560
	ttagttcaca ggtcccatt gattgtgagc aqatattta tctcttttagc ccttggggat 1620
30	ccagctgaga gcaatctctt gcattttttt acccggttat gtacagatat catttcttgc 1680
	gtatgcatg actgaaaaaa gtttgggaag ctctttagca atatcagcta aaaggatatg 1740
	aaatcacagg tgatacgagt tgcatttcag taatttccta caagcagcac cccaaaggaa 1800
	atatagttctt aatcttact atccacttct aaatttaatg tgaatttcat acatgttatt 1860
	agttgttttc ttataattt tataaaaattt attcatcggt agttaactt ccacttccat 1920
35	gctatcgat gtgtgggt ccatgcaaga acttggaaaga aaaacaggca ggaatgcatt 1980
	tgcataatga cccagatcat cattttctgc aactgagaat tatatttcat cattgtttct 2040
	agaagtctgc aattcttac ttttcttgg tgcattatta tcttaggtgc atcactggat 2100
	aatgtggagt gactagagaa gtcacatatc actgttaggt acagtttaggg taacacttta 2160
	gaggtttatt attttaaaaa aactttctt gaactcctgg ccaacatggt gaaaacccgt 2220
40	ctctactaaa aataccaaaaa tttagccaggc gtatggtggt gtcctgtaa ttcagctac 2280
	ttggggaggt gaagcaggag aactgcctga acccaggagg cagagggtgc agtgagtcg 2340
	gatcgtgcta ctactgcctg ggtggcaagg gtgagactcc atctcaaaaa agaaacaaaa 2400
	aaacccaaaa agtttctt actgttggtt aaaaaaaaaa gccagaccat agttgactg 2460
	gtggcatgga atttgtgtat caaataatg catttgctt tttgacaaac aaaaagtgtc 2520
	cactatttgt gaccgaggtg gggccgttt ttgaaaattt gggggaaaat ttgcccgtgg 2580
	gtggqaqqqc ctttqttggg qggggaaaaat tggcccttgc g 2621

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2019 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: N

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

ctgtatccta atttcttggt gaatgaactc attcttaaac agaagcaaag atttgaggaa 60
 aagaggttca aattggacca ctcagtgaatg agcaccaatg gccacaggtg gcagatattt 120
 caagatttgtt tgggaactga ccaagataac cttgattttgg ccaatgtcaa tcttatgttg 180
 15 gagttacttag tgcagaagaa gaaacaactg gaagcagaat cacatgcagc ccaactacag 240
 attcttatgg aattcctcaa gtttgcagaaga agaaataaga gagagcaact ggaacagatc 300
 cagaaggagc taagtgtttt ggaagaggat attaagagag tggaaagaaat gatggctta 360
 tactctcctg tcagtgagga tagcacagtg cctcaatttg aagctcccttc tccatcacac 420
 agtagtattta ttgattccac agaatacaacg caacctccag gtttcagtgg cagttctcag 480
 20 acaaagaaac agccttggtta taatagcacg ttagcatcaa gacgaaaacg acttactgt 540
 cattttgaag acttggagca gtgttacttt tctacaagga tgtctcgat cttagatgac 600
 agtcaactg caagccagtt ggttgaattt caggaatgtc tgcataatgtt tactcgat 660
 aattcagtagc gacctttagc cacattgtca tatgtatgt atctctataa tggttccagt 720
 atagtctcta gtattgaatt tgaccggat tgcgtactatt ttgcgttgc tggagttaca 780
 25 aagaagattta aagtctatga atatgacact gtcatccagg atgcagtggaa tattcattac 840
 cctgagaatg aaatgacctg caattcgaaa atcaactgttca tcagttggag tagttaccat 900
 aagaacctgt tagctagcag tgattatggaa ggcactgttca ttttatggaa tggattcaca 960
 ggacagaggt caaaggctta tcaggagcat gagaagaggt gttggaggt tgactttaat 1020
 ttgtatggatc ctaaactctt ggcttcagggt tctgtatgttgc caaaagtgaa gctgtggct 1080
 30 accaatcttag acaactcagt ggcaaggattt gaggcaaaagg ctaatgtgtg ctgtgttaa 1140
 ttccagccccctt cttccagata ccatttggctt ttcgtgttgc cagatcactg tgcactac 1200
 tatgtatcttc gtaacactaa acagccaatc atggatttca aaggacaccg taaagcagt 1260
 tcttatgcaaa agtttgtgag tgggtggagaa attgtctctg cctcaacaga cagtcagct 1320
 aaactgttggaa atgttagggaa accatactgc ctacgttccct tcaagggtca tatcaatgaa 1380
 35 aaaaactttt taggcctggc ttccaatggaa gattatataa cttgtggaa tgaaaataa 1440
 tctctcttacc tgcgtactataa aggacttttgc taactttttaa gtttgataca 1500
 gtcaaaagtgtt ttcgtgacaa agaccggaaa gaagatgata caaatgaatt tgcgtgttgc 1560
 gtgtgtgttgc gggcaactacc agatggggag tccaaatgtgc tgattgttgc taacagtca 1620
 ggtacaattttt aggtgttgcata attgtatgttgc agggtaactt caagtcaat tgcgtgttgc 1680
 cctgctgaaa tacatctgca gctgacaatg agagaagaaa cagaaaatgtt catgtgttgc 1740
 ctctccccaa agtcatcatg ggttttggat ttgttttgc tatttttttgc tttttttctt 1800
 ttccctccctt tatgacctttt gggacattgg gaatacccaag ccaactctcc accatcaatg 1860
 taactccatg gacattgttgc ctcttgggttgc tgcgtatctt tttttgttgc agggaaaca 1920
 attcttttgc ataaaaataa ataacaaaac aataaaaatgtt tattgagccca caaaaaaaaa 1980
 45 aaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaaaaaa agaaggaggagg agggaaaagg 2019

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1866 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

	gtggttgctg tgacaggcac tatttgaagt gctttatcat ggattaactc ttaatcctca	60
15	gctaccgtat aaagtaggac ataacccat ttcacatgca ctacactgag acttgcctcc	120
	tctcccccca cattgaagat gttctttt cataactata tactattcca ttgcatgaat	180
	attctgtaat ttatttaatc ccctatgat tgataattag gttcattata gatagaagtg	240
	taattaacat tcctgtacat gtattttct acttgtgtgg gtatttctgt aggatgaata	300
	actagaaaatt tattggatca ggtttcacat ttgcagttt gaaaactact accaaaaaaga	360
	tttccaccaat ttacaactcc atcattatgta agaatgcctg ttgcctata gtctgccaac	420
	cctgaatcct taaaaatttt tgccaaatcg gtaggcaaaa ttctttctt ttctttgaat	480
	attaatgagg aggaacatct tttcatgtt cttggccatt tgcatccctt attatgaatt	540
	gttttgccc attttccctt tttaatatt gaaagtctaa tgactaccc ttcatgtat	600
	aaaaaaacaca gttctttgaa tagagagacc cttttctcca atgctaccaa tcacattcca	660
25	cttaccacag tttaacatac atcctctgtt cacccctccg tacgaatata catacacata	720
	aaaacacttt ttacataaat aggatctcat attctgttagt tttttaaaat ttttgtctca	780
	aaaaaaagata acaggtcttt aaattttttt aatgggtgaa tatgattaaa tactatgaaa	840
	atgccatttat ttatccctt aatttttttc ctctcgctat tacattgcca aagtaaacat	900
	cctattcaga tgtctttgtg catgtgtgtg aatattttt tagtctggag tccagtaagg	960
30	tggatttttq gatcaaaggg tttgttctct gtccacccctc agtctccca aaggccttca	1020
	taactgtatt ttaccaagt gtatggagaa tgttcatttc cccatataac catacctaca	1080
	cttgatagtt ttatctgtt gggcgaaaaaa gaaccttttc ttattttgca tttccctgat	1140
	tataaaaaaaa aatggtgaga ttggggttat ttcatgttt attggccatt tatagttac	1200
	tgtggattgt ttgtatccct tacctgtttt ctattgggtt atgtgtggat atattgttt	1260
35	tatttgttca gcatctcctt ccccatcttc tggtaacaca acctttatattt atttgtgggg	1320
	aacctattcc ctgtggctta ggtgagcatg tgaccaggcc tggcctccctg agtcccacag	1380
	cttccttagcc acagtataa aagaatgggt atataactta agccaggcta agggaaagccc	1440
	ttaacagaac ttctgtgga actactgaa agaaggctt atggagatcc caggaaccaa	1500
	ggaccatgtt agcctgaatt tggccatgt ggagagagtc tggctgagga gaaactcgaa	1560
	tgcttagcaga aatggaaaga gaactaagt ctgatgtcat ttttctggag gccctagatc	1620
	cagctgtgcc taaagcctgc cctacccctcg gactttaaag ttttctggc caataaagtgc	1680
	cctttcttgtt ttaagataat tgaattgagt ttctgttctg attaatata tag gttatttgc	1740
	ttttcttattt gattgttata aaccccttgc aattttaaat tctagacttt atgcactata	1800
45	taagttataa aaatttagcat ggccttccat gaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa	1860
	aa	1866

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1189 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

	ctagcaagca ggtaaacgag ctttgtacaa acacacacag accaacacat ccggggatgg	60
	ctgtgtgttg ctagagcaga gcgtgattaa acactcagtg tggggctct ctgtgccact	120
15	cctggaaaat aatgaattgg gtaaggaaca gttaataaga aatgtgcct tgctaactgt	180
	gcacattaca acaaagagct gcagtcctt gaaggaaaag ggcttgtgcc gctgccgttc	240
	aaacttgtca gtcaactcat gccagcagcc tcagcgtctg cttccccatg acaccctcat	300
	tacatgtgtc tgtctggctt gatctgtgca tctgtcgga gacgctctg acaagtcggg	360
	aatttctcta ttctccact ggtgaaaga gcgatttct ccctgtttct ttctgtcac	420
	ccccgtctt cttcccccagg aggcttcattt atttatggta gctttggact tgcttccccg	480
	tctgactgtc cttgactttt ayaatggaa aagctgagct ggtgaaaggaa agactccagg	540
20	ccatcacaga taaaagaaaa atacaggaag aaatctcaca gaagcgtctg aaaatagagg	600
	aagacaaact aaagcaccag catttgaaga aaaaggcattt gagggagaaa tggcttctag	660
	atggaatcag cagcggaaaaa gaacaggaag agatgaagaa gcaaaatcaa caagaccagc	720
25	accagatcca ggttcttagaa caaagtatcc tcaggcttga gaaagagatc caagatcttgc	780
	aaaaagctga actgcaaatc tcaacgaaagg aagaggccat tttaaagaaa ctaaaagtcaa	840
	ttttagcggac aacagaagac attataagat ctgtgaaagt gggaaagagaa gaaagagcag	900
	aagagtcaat tgaggacatc tatgctaata tccctgacct tccaaagtcc tacatacctt	960
	ctaggttaag gaaggagata aatgaggaaa aagaagatga tgaacaaaat agggaaagctt	1020
30	tatatgccat ggaaattaaa gttgaaaaag acttgaggac tggagaaaat acagttctgt	1080
	cttcaataacc tctgccatca gatgacttta aaaggccat gagtaaaat ttatgtatgt	1140
	gggcaaaagt ccagtgtatt cagtaaagt ctaatcacaa gttggaggt	1189

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1418 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

5 gagctcgcaag ctccggccgc gcctggtccc agcggccgca ggcggccgtc cccggcccaa 60
 ccatggcgta ctccggggcc ggctgcgtgg tgatcggtgg cagtggagtc attgccgaa 120
 gtggggccatg ctgtttgcga gtggaggctt ccaggtgaaa ctctatgaca ttgagcaaca 180
 gcagataagg aacggccctgg aaaacatca gaaaggagatg aagttgtgg agcaggcagg 240
 ttctctgaaa ggctccccga gtgtggaaaga gcaagctgtca ctcatcaactg gtgtcccaa 300
 tatccaagaa gcaagtagagg gtggccatgca cattcaggaa tgggtttccag aagatctaga 360
 actgaqaag aagattttg ctcaagttaga ttccatcatt gatgatcgag tgatcttaag 420
 10 cagttccact tcttgtctca tgccttccaa gttgtttgtt ggcttggcc atgtgaagca 480
 atgcacatcgta gtcacatccgt tgaatccggcc atactacatc ccgctgggtt agctggccc 540
 ccacccggag acggccctta cgacagtggc cagaacccac gccctgtatga agaagattgg 600
 acagtgcggcc atgcgagttcc agaaggaggt ggccggcttc gttctgaacc gcctgcaata 660
 tgcaatcatc agcgaggcct ggccggcttagt ggaggaagga atcgtgtctc ctatgtac 720
 15 ggaccttggc atgtcagaag ggttgggcat gcggtatgca ttcattggac ccctggaaac 780
 catgcacatc aatgcagaag gtatgttaag ctactgcgac agatacagcg aaggcataaa 840
 acatgtccta cagacttttgc gacccattcc agagtttcc agggccactg ctgagaaggt 900
 taaccaggac atgtcgtatga aggtccctga tgacccggag cacttagctg ccaggaggca 960
 gtggaggggac gagtgcctca tgagactcgc caagttgaag agtcaagtgc agccccagt 1020
 20 aatttcttgc aatgcagtt ccactccctt cattggaggc cctatttggg aacactgca 1080
 gcccctaatac agccctctgt gacatagta gcagcccacg gagatctaa gctggctgtc 1140
 ttgtgtqca gctgagttggg gtgggtcagg ccgttagtct gcccgtcact ttggatcata 1200
 gcccctggcc tggccggcaca gcagcacctt cgttctcggt gctgtcgatt tcctgccacc 1260
 tggccagata acctggagat ttacccctt tcttttcag cttgattgca ttgagttatg 1320
 atttgacagc cagtgttcatg agttttcatg ttaatatgtg ggcaaaatat ttgttaatt 1380
 atttttgc a tccctttctg agtaatctgg gggcctt 1418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 814 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

5 gcagcaacgg ggtgcggcaag ggtggggAAC gcggggaggggg gccagctccc aggaaagctg 60
 gtctgcgagc ggccctgccc cggctcccaag gtccctgcgc gacccccc ttcccgagac 120
 cccagccggg ctggccggcc cgtccctggaa gctccagctt gaaccatgtt ttcaacttgc 180
 ggcccaaatg aggccatgtt ggtctccggg ttctgccc gaccccccagt catggtggtc 240
 ggaggggcgtg tctttgtctt gcccgtcatac caacagatcc agaggatctc tctcaacaca 300
 ctgaccctca atgtcaagag tgaaaagtt tacactcgcc atggggccc catctcagtc 360

actggcattg cccaggt ... gctttcagag cctttcccc acagtct ... tccccatcac420
 cctctctccc agacattaa^g acatcttctg gccacagtct totcaaccct tgccctgcaga480
 gaagttcctc tgctagtctc atctttcca ggcaccccaa ggcacttgcc tcctcctcct540
 ttcttccct gaaatggaa^g aagcattct gagagggctc tccctctct ctctgcttt600
 cctctgactt catgagaccc ccaccacacc tttcttaccc ctactctggc tacaggtaaa660
 aatccagggg cagaacaagg agatgttgc ggccgcctgt cagatgttgc tgggaagac720
 ggaggctgag attgccca^c ttgccttga gacgtagag ggccaccaga ggccatcat780
 ggcccacatg acttgtgg^a gggttggct taga 814

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3039 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

35 gaactgagat attgtaatca aatagttaac atcaggaagt taatttgct ggcaaaattc 60
 tagggaaact tggccagaaa actggtgtt^g aaggcttt^t ctcataaaa caagtccat 120
 ttagtttcaa atgaccagca aatataattt^a gaacccttcc ttttttatgt ctgtacctcg 180
 tccacccctc aggtataacc tgcctctcac aggtacagct gtttctt^t aatcctccaa 240
 ccaaata^g gtttcc^t cttgatt^g ttgagctgac agactgttag aatacagttc 300
 tctggccaca gctgatgagg gctttctgt^a ctgcacacag attgtgact gcaccccagt 360
 ccaggtgact ggtacccact cgagttgtgc cgtcaaaac ctgtccagta tatgcatgtg 420
 gtggccctac tgactggtaa tggtagagg catttat^g ttttaagctt tgaggaaaaa 480
 ccatgacttt taacaattt^t ttatgg^t tatgctaaa cccttat^g acatagtgt 540
 aaataattat gaaaaat^g ctgttcataa ttggtaggt^t cttttgt^g gcagggagca 600
 taattattgg tttattatgg taattatgg^t gatttttaa atatcatgt^a atgttaaaac 660
 gttttcta^a agtttactgt tgcttatctc caagatatta tggaattaag aattttcca 720
 gatgagtgtt acatagattc ttgaattt^a gtataaaagt actgagaatt aagtttgac 780
 ttccataa^g ttggatttta aacactgata^t gtatctcat^g agtaatgtgt gtttgggag 840
 aggagg^g gctgatt^t attcacatt^t gtat^g aata ccatgtt^g aactcatagc 900
 50 aataatgcta tgctgtgt^t atccctctca agttctgcat^t taaaatata tttttcttt 960
 ataggaatt^t atgtatacc^a tgaagt^t catt^t gtcagttgt^a gtagctctg^t tgttgaat^t g1020
 gatatcatgt^t ttttagcattc^t cattttactg^t actagggt^t aagaacactt^t ttcttggct^t g1080
 cattggagg^t atacc^t aagg^t agtcttgggt^t gttcctt^t tggggaa^t aacatttca^t c1140
 tagtctctt^t ttttcat^t taaaattgt^t aattaaggat tactcaagct^t caccattatt^t l200
 55 caagattggg actcgcttcc^t cagtcgacac^t tctgcctgc^t ctgtcattgc^t tgcaaaagagc^t l260
 tgctgctttg^t ccaacctaag^t caaagaaaat^t acggcttctc^t ttgcattatt^t ttccctttg^t l320
 gttggttt^t tttctagaag^t tacg^t t^t caga^t tgctttgggg^t aatgcaatgt^t atgatttgct^t l380
 agctctctca^t ccacttaact^t cactgtgagg^t ataaatatgc^t atgcttttg^t taattaactg^t l440

5 gtgcgttggaa aatc' :tt aaggggagaaaa aatctcaacc aaa, tgc tcatccagac 1500
aagctgacct tttagttaat ttccagcacaa ctcattcttc agtgcttc gactgaaaac 1560
aaaaaacaaa aaaacgaaag catcttcaca atgaagcttc cagataggac cgttttgtca 1620
aaagatacat tctcatttgtt ttccaacagt gatggcttc acataaggtt aaacaaacta 1680
5 ggtgtttgtta aataatttat tacagttac tctatcgcat ttctgttaaca tgaatgcata 1740
gcccttcttc agggaaagac tgggttcaaq ttaaaaaaaaaaa aaaacaatat taaacaacata 1800
gaaactgcag tctgttttg aaaatgagaa tggctctaagt gattcagaag agaggaggaa 1860
agttgtgcac tctgaaaatg cataaaaaac aaaggcaaaa actagtggga aatgtgttaga 1920
10 actgttaact gagacggctt cgagtcttcc ttctggaaatc tgtaaattt cacaaggta 1980
tgagggttaaa tggagaaaaat atttctggga ttacaatgaa tgtaaggcca aattgtggaa 2040
ttgcccgttaa cctggatggg gaaaaggcatt tcccatagca ctccatgtaa tatgagtgtc 2100
ctgtgagatg ttcatcgatg ttttataaaaa atgggtttgc tggggaaacca agtttgcacc 2160
tggaaactta caatgcaccc tggcgacta agggtttggc atccggtagt gaaaaactgt 2220
ctaaccccgac attgccccaaa ctatttgac accaggaccc ttctccctt tgggatactt 2280
15 atgaacctct cactaatgtc ctgtggagaa cattttggga aacactatgt tagatagttc 2340
tttaaggaga caaaacggta atgaacagat agcactgggg cagaatatgc atgcattttg 2400
taacgtccag tggcgcttg aatagatgtg tatttccctt cctgcagaaaa ataagcacag 2460
aaaattataa tggatgtat cggagcttcc ttctttgata gagagaacag ccccaatgt 2520
cctggctttt tcactgaacg tatcagaata catggatgaa ttggggtaaa taaggttta 2580
20 attcagatct agaagaaaatg attgtacgtt tgaatgcaga ttttatcca cagatagttg 2640
tagtgttttag acatgacagg acctatcgatg gaggtttcta agacttacta tgggtgttaa 2700
acctgtttt taaaactatt tttagaaacct gagacttgcc gtctggcatt ttgtttaat 2760
acaaactaat gattgcattt gaaagagatt ctgacctt tttctaaacg ttagagctc 2820
tgaaatgtct tggatggagg tattaaacta tttgcctgtt gtacaaagaa atgtttaagac 2880
tcgtgaaaag aartactata aggtactgtg aaataactgc gattttgtga gcaaaaacata 2940
cttggaaatg ctgattgtt tttatgtttt tgtagtatt gcaagaaaaca cagaaaatgt 3000
3039
agttttgttt taataaaacca aaaattgttac ataaaaacc

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1448 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iv) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

55 taccaatctg aagggggaag cgccgcgc accgcctccc ggcgctccct ccccgactcc 60
taagtcccttc ggccgcacc atgtccgcct cggtgtt cattctggac gttaaggc 120
aqccattgtat cagccgcaac tacaaggcg atgtggccat gagcaagatt gagcaacttca 180
tgccctttqct ggtacacggg gaggaggaag ggcgcctggc cccgctgtg agccacggcc 240
aggttccactt ccatacgatc aaacacagca acctctactt ggtggccacc acatcgaaga 300

	atgccaatgc ctccctgc tactccttcc tgcataagac aataga	ttctgcgaat 360
	acttcaagga gctggaggcg gagagcatcc gggacaactt tgcatacgcc tacgagttgc	420
	tgcacgagct catggacttt ggcttcccgc agaccaccga cagcaagatc ctgcaggagt	480
5	acatcaactca gcagagcaac aagctggaga cggcaagtc acgggtgcac cccactgtca	540
	ccaaacgctgt qccttggcgc tccgagggtt tcaagtataa gaagaacqag gtcttcattt	600
	atgtcataga gtctgtcaac ctgctggta atgccaacgg cagcgtcctt ctgagcgaaa	660
	tgcgttgtac catcaagctc aagggtttc tgcaggat gccagagctg cggctggcc	720
	tcaatgaccg cgtgccttc gagctcaactg gccgcagcaa gaacaaatca gtagaqctgg	780
10	agatgtaaa attccaccag tgcgtgcgc tctctcgctt tgacaacgac cgcaccatct	840
	ccttcatccc gcctgatggt gactttgagc tcatgtcata ccgcctcagc acccaggta	900
	agccactgat ctggattgag tctgtcattt agaagttctc ccacagccgc gtggagatca	960
	tggcaaggc caaggggcag ttaagaaac agtcagtggc caacgggttg gagatatctg	1020
	tgcctgtacc cagcgatgcc gactccccca gattcaagac cagtgtggc agcgcctaagt	1080
15	atgtgccggg gaaaaacgta gtgatttqga gtattaagtc ttcccgggg ggcaaggagt	1140
	acttgatcgq agccacttt gcgcctccca gtgtggaaaa ggaagaggtg gagggccggc	1200
	cccccatcgq ggtcaagttt gagatccctt acttcaccgt ctctggatc caggtcccgat	1260
	acatgaagat cattgagaaa agtggttacc agggccctgc cctggggtt cgctacattc	1320
	acccagagtg ggcgattacc aactttcggtt accagctagg aaggggagaa gagatggggg	1380
	ggtttaaca cgggtttgc ttacagccc cggatgcaga ttttagaaag ggagggcagg	1440
20	tgcggtt	1448

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1394 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

45	atgaatacaa ggctgcaagt ggaacatcct gttactgaga tgatcacagg aactgacttg	60
	gtggagtggc agcttagaat tgcagcagga gagaagattt ctgtggccca ggaagaaata	120
	actctgcagg gccatgcctt cgaagctaga atatatgcag aagatcctag caataacttc	180
	atgcctgtgg caggcccatt agtgcaccc tctactcctc gagcagaccc ttccaccagg	240
50	attgaaaactg gagtaacggca aggagacgaa gttccgtgc attatgaccc catgattgc	300
	aagtgggtcg tgcgtggcagc agatgcctt cggcatttgc caaaactgag gtacagcctt	360
	cgtcgttaca atattgtgg actgcccacc aacatttgc tcttactcaa cctgtctggc	420
	cacccagagt ttgaagctgg gaacgtgcac actgattca tccctcaaca ccacaaacag	480
	ttgttgcctt gtcggaaaggc tgcagccaaa gagttttat gcccggcagc cctgggtctc	540
55	atcctcaagg agaaagccat gaccgacact ttcactcttc aggcacatga tcaattctt	600
	ccattttctgt ctagcgttgg aagaagactg aatatctgtt ataccagaaa catgactt	660
	aaagatggta aaaacaatgt agccataqct gtaacgtata accatgtatgg gtcttatagc	720
	atgcataattt aagataaaac tttccaagtc cttgtataatc tttacagcga gggagactgc	780

acttacacctga aatgttttgt taatggagtt gctagtaaag cgaa(. att atccctggaaa 840
 acactattta cctatccc aaggaaggaa gtattgagat tgacccc ca gtc(cccaat 900
 acttatcttc tgtgagctca caagaaaactc agggcgcccc cttagctcct atgactggaa 960
 ccattgaaaa ggtgtttgtc aaagctggag acaaagtcaa agcgggagat tccctcatgg1020
 5 ttatgatcg catgaagatg gagcatacca taaagtctcc aaaggatggc acagtaaaga1080
 aagtgttcta cagagaaggt gctcaggcca acagacacac tccttttagtc gagtttgagg1140
 aggaagaatc agacaaaagg gaatcgaaat aaactccagc aaggaaatgg ccagttaaat1200
 agtgtcttc ctctccacca aaaagagggaa gtgcctccag ctttctggg ggtctcataal1260
 agagcagtt tactaaatga ttgtatgctt atgctgaaca cctttcatat tggagaatca1320
 10 tgcatttggg tcactaatta tctcaaaata tttcataacta ataaaagtta attattttt1380
 attgaaagcc aaaa 1394

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

gccgacaaga tttttttgt gcctttccg gctgcggggc gagtagtcgt ccgacgtctg 60
 gccgtgagac gtttggggag ccggagtc tccaccgcag acatgacgaa gggccttgtt120
 ttaggaatct attccaaaga aaaagaagat gatgtgccac agttcacaag tgcaggagag180
 aattttgata aatttttagc tggaaagctg agagagactt tgaacatata tggaccacct240
 ctgaaggcag ggaagactcg aacctttat ggtctgcattc aggacttccc cagcgtggtg300
 ctatggcc tcggcaaaaa ggcagctgaa atcgacgaaac agaaaaactg gcatgaaggc360
 aaagaaaaca tcagagctgc ttttgcagcg gggcagggc agattcaaga cctggagctc420
 tcgtctgtgg aggtggatcc ctgtggagac gctcaggctg ctgcggaggg agcggtgctt480
 45 ggtctctatg aatacgatga cctaaagcaa aaaaagaaga tggctgtgtc ggcaaagctc540
 tatggaaagtg gggatcagga ggcctggcag aaaggagtcc ttttgcattc tggcaagaa600
 ctggggcag ccaatttgc gggagacgcc agccaattga gattgacgcc aaccagattt660
 tgccgaaatt atttgagaag attttcaaaa ttgttagtta gttaaaaccg agtcctttt720
 cagaccccaa tttt 734

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 692 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

30

```
tgcagcgcgt gcgtgctgct ctactgagca ggcgcattggaa ggactctgaa gcaactgggct 60
tcgaacacat gggccctcgat ccccggtctcc ttcaggctgt caccgatctg ggctggtcgc 120
gacctacgct gatccaggag aaggccatcc cactggccct agaaggaaag gaccccttgg 180
ctcgccggcccg cacgggctcc gggaaagacgg ccgcattatgc tattccatgt ctgcagctgt 240
tgctccatag gaaggcgaca ggtccgggtgg tagaacaggc agttagagggc cttgttcttg 300
ttccttaccaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgtat tcagcagctg gctacact 360
gtgctcgggta tgcgtggatgtg gccaatgtct cagctqctga agactcagtc tctcagagag 420
ctgtgctgtat ggagaagccaa gatgtggtag tagggacccc atctcgatata ttaagccact 480
tgcagcaaga caqcctgaaa cttcgtgact ccctggagct tttgggtggtg gacgaagctg 540
accttctttt ttccctttgg ctttgaagaa gagctcaaga agtcttcctc tggtcacttt 600
ccccccggat tttaacaagg cttttctcat gtcagctact tttaacgagg acgtacaagc 660
actcaaggag ctgatattac ataaggccgt at 692
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 571 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

ctgccacgca cgactgaaca cagacacgag ccgcctcgcc atgaagctgc tggatggcct 60
 catgctggcg gcccttcctcc tgcaactgcta tgcagattct ggctgcaaacc tcctggaggaa120
 catggttgaa aagaccatca attccgacat atctataacct gaatacaaag agcttcttca180
 agagttcata gacagtgtat ccgctgcaga ggctatgggg aaattcaagc agtgtttcct240
 caaccaggta catagaactc tgaaaaactt tggactgtat atgcatacag tgtacgacag300
 catttggtgt aatatgaaga gtaattaact ttacccaagg cgtttggctc agagggtcac360
 agactatgca cagaactcat ctgttgattt gtagaaacca cttttctttc ttgtgttgc420
 ttttatgtg gaaactgcta gacaactgtt gaaacctcaa attcatttcc atttcaataa480
 actaactgca aatcacaaaa aaaaaaaaaa gtcgacg 517

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 322 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

tcaagctgtg ggtgagaagc tctctagcag ggactctgac cttatggagg atcgctgttt 60
 cccccatttt tcctttcac ccaaaaaagt cctgcttctg tcacccttca aacagcctgt120
 gaggcttaat ttttggcc atggacaga caaggacccc gtcttcagct gaactaaggaa180
 aaagtccctgc gacatcttg gccatcaaacc tccaaacccag tcacccaacc agagcctctg240
 aggaatggcc ctttcttgcg gggaaaccctt tacaatggc ctcttgactg atgtttcccc300
 aaaacagtcg ccctgtcatc ag 322

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1559 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

15 gcacgagttg agagttagtg tgggtgtc cgtgtgcacg tgccacatg tgccacgg 60
 tatgtatggg aaataaaactt ataaaatgggg acgtatttga gaaggaaata catagaccta 120
 caacttttag ccaatagcag tggatgtttt ggaactgaaa tgccacactt aaagtcttca 180
 gcccagctac ttcccttattt ttggcgggga gaagagggcc tgattagaac tggtctgg 240
 gtgtttggcg ggagggaaat aatttttgtt cagtccttct tagtgcacaa actttaattt 300
 ttaagaataa tatattgact tactgaactg aagcattctg agttgaaagg agctccagag 360
 gagggtggatt ctgtgttgct cacatgtttaa aagcttgctc accttcagag cagagggaaat 420
 accttatcttc agatatatccgc ccattttcat ctcttcattt tagtcaaaca gtgtgacttq 480
 agagtgttgc tctgtgtct gtattctggc ttatgaagat tatttggaaaa agaactctta 540
 ctacattgaa atgcagactt taaaaaattt aaatatttga ttaggcagtc aaaaaacc 600
 acaagcataa aaggtaataa agttgtatc taaaaaagtaa aggtggaaaa ctcattataa 660
 25 atggaaagaaa agtttgatt tcctttttt tttgtatggc agtatgcattt attatacc 720
 aagttttttt aaaaaatattt tccatcaacc atttttattt aaaataaaca ttggagg 780
 gttaccaagg cagttttttt cctcaaaagt aacctgttcc tctttggaaat agcacat 840
 agggggcatgg ttaatacctg agatttttac tcagtaaattc ctgtatggta ctgtgtgtaa 900
 aatatctta agtaggattt aaggcctctg tgggggaaata aaatattacc aaagtctata 960
 30 aaaaataaattt ttacatgttc tcttttatga cagagagcag cactggttct gttat 1020
 aatgtatcaa ttgatttttt gataggtgtt taatattttt tccctcaactg ctgattctt 1080
 gatagaaacc attttttata tttgatqaac tgctttcaqa aaacccttat caacaagtgt 1140
 acaatactta tctaaaaacta tacatttttaa atggagcagt ttaataacttag atctcagaag 1200
 35 ttttggaaaa tagcaaaagaa gactggattt ggaaagcatg gtctacaatt ggttgtt 1260
 ttctgaagct atgaagaata aatgtttcaaa ctttggatta tgaaacccca ttatgat 1320
 tttaataaca cttgaaataa aaatgatcaa actaaattttt ggtccagta cattactttg 1380
 cactgcataa tccattatac gttgtacac tttttttt ggtttgaatt aataactgag 1440
 agttttgtgt gaagctacgg catatctaac cggagaattt cggatgcctt atacgggtgat 1500
 tatattatat gggggcattt gtatgcagc ggaagacgg aatttatgcct ttggaaac 1559

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 1072 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

10	cacacgtgct gacggcgaaaa acattcacat ccataagaag aaatctcagc aagtgttcgc 60 gtccccccagt aaacacccca tggacagcaa gggggaggag tccaagatca gctaccccaa 120 catcttcttc atgattgaca gtttcgagga ggtgttcagc gacatgaccg tagggaagga 180 gagatggct ctgtggagct ggtggctagt gacaaaacca acacgttcca gggggtcac 240 ttccagggtc ccatccgcta cgaggcgctc aagaagggtgt atgacaaccg ggtgagcgtg 300 15 gcccggccca tggcacagaa gatgtcgtt ggcttctaca agtacagcaa catggagttt 360 gtgcgcatga aaaaaaaaaa gggcaagggc cacggcgaga tggcggtcag ccgagtgtct 420 acaggtgaca cagccccctg tgggactgaa gaggactcca gcccagcttc gcccatgcac 480 gagcgggtga ctccttcag cagaaaaaaaaa accccagaac ggaacaaccg gcctgccttc 540 ttctccccat ccctcaagag gaaggtgccc cgaaaccggc tcgctgagat gaagaagtcg 600 cactcggcca acgacagcga ggagtcttc cgggaggacg acggtgggacg cgatctgcac 660 20 aatgcaacca acctgcggtc tcggccctc tcgggcacag gacggccctt ggtcggtcc 720 tggctgaagc tgaacagagc agatggaaac ttccctctct atgcacaccc aacctacgtc 780 acgttgcgc tgcatcgat tttaacagac atccctggaaat ttcggcagaa gcccatectg 840 atgaccttagc cgctgcgga gcctgcgcag agccccggcc gggcccagcc ctggagtg 900 tgccaagtgc ctacctgtcc accgccaccg gggctctgcga tggcacgca gtgttgaggc 960 25 cgcagccagg cgagccact cgactgccgg ggccggggcc gactgcacgaa acaccagccc 1020 aaactgaagt gcctctgacg ggccctgctg ggcgtgttc cgccctgtgc cc 1072
----	--

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 454 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

55	gtgctgcattg gagtgagtgg cggcatccac cgtgaggagg agaggagctc tgataccctc 60 aggacccggcc aggagggca tcacggaggc ttctggacga ctggagctg tgcctgggg 120 agaaaaacccgc tcctgtgtgg gccctgagtg ctgaggaggaa agctgccatg cactttccc 180 tggcattttt cctgcatgtt tcgtctgtt ttttgcattt aacatgttgtt catgaatttt 240 tatgcattgag gcatatttca tcattgttgtt atgctgaagt ccccttcatc cttcaattt 300
----	--

gttgggtggac aggagag(ggtccaaggc gccctacatc gtgcgc |) gccgtgggag360
 gagatcgagc gcccaggcau ggaggaggtg ggcattacc ccatgtctgg ggtggccgca420
 gacatccagg cactgaaggc agcttcaac gtca 454

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 700 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - 10 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (v) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 25 (vi) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

30 cttgtcggag ccctaaccag gggtatctct gagcctggtg ggatccccgg agcgtcacat 60
 cacttccga tcacttcaa gtggtaaaa actaatattt atatgacaga agaaaaagat120
 gtcattccgt aaagtaaaaca tcatcatctt ggtcctggct gttgctctt tcttactgg180
 tttgcaacctt aacttcctca gtttggcag tttgttaagg aatgaggta cagattcagg240
 aattgttaggg cctcaaccta tagactttgt cccaaatgct ctccgacatg cagtagatgg300
 gagacaagag gagattcctg tggtcatcgc tgcatctgaa gacaggctt gggggccat360
 35 tgcagctata aacagcattc agcacaacac tgcgtccaaat gtgattttt acattgttac420
 tctcaacaat acagcagacc atctccggc ctggctcaac agtgattccc tgaaaagcat480
 cagatacaaaa attgtcaatt ttgaccctaa acttttggaa ggaaaagtaa aggaggatcc540
 tgaccaggg gaatccatga aacctttaac ctttgcagg ttctacttgc caattctgg600
 ttcccaggg caaaggaagg cccgtttaca tgggtttagt gatgttattt gtggcaggtg660
 40 ggatttttg ccctttacat tacagcagtg aggccggggc 700

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 914 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

ccggcctgcg gtggcagca gtcagggttc tccaaatcat tgcgttagttc cgaataccct 60
cgccacacc tggccttctc catgctcgga ataacttcct gcagcgaacca acaggctaaal20
gagggggaag ggatccagca ccggctcctc ctccggcaac cacggtgaaa gcgccggagg180
aaatggacat aaacccgggt gtgaaaagcc agggaatgaa gcccgcggga gcgggaaatc240
tgggattcaq ggcttcagq gacagggagt ttccagcaac atgagggaaa taagcaaaga300
ggcaatcgc ctccctggag gctctggaga caattatcgg gggcaagggt cgagctgggg360
cagtggagga ggtgacgctg ttggtggagt caatactgtg aactctgaga cgtctcctgg420
gatgttaac ttgacactt tctggaaagaa tttaaatcc aagctgggtt tcataactg480
gatgccata aacaagaacc aggtccgc cccagcacc tgagccctcc tctacttcag540
ccgactctgg gaggatttca aacagaacac tccttcctc aactggaaag caattattga600
gggtgcggac gcgtcatcac tgcagaaacg tgcaggcaga gccgagtcag aactacaatt660
acaaccagca tgcgtatccc actgcctatg gtggaaagta ctcaqtcaag acccctgcaa720
agggggggag ttcaccccttc ttccctcgct tccccgggtgc aacctggcc tgcttgcagt780
tgggtgaagt tttgttaagg caatttcctg caaccaacca ccgaaggccc cggaaaaagc840
actgggttcg tcaagggaaq ctccctcccc ctttggggcc cccagccctq tggcaggccc900
ctgggccccgg gttg
914

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1669 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

gagctgcagc agagcaggta acagctcttq cacctgtttc tcttgacact gacgtgcagc 60
tgtcttacc cacctttctt ggctgagact tgcgtgatac agcagccgg aggccaccact 120

```

tgcttcccga gtctcad cccaggcagc tcctacactc aactgt cttaggaaagg 180
 tctcacctcc agcctggagc agtcgggatt acagaaaagcc ccatccttgg ctttagggagc 240
 gccatgacga ctgaaattgg ttggtgaaag ctgacttcc tccggaaaaaa gaaatccact 300
 cccaaagtgc tgtatgagat ccctgacacc tatgccccaa cagagggaga tgcaqaaccc 360
 ccgaggcctg acgctggagg ccccaacagc gacttaaca cccgcctgga gaaqattgtg 420
 gacaagagca caaagggcaa gcacgtcaag gtctccaact caggacgctt caaggagaag 480
 aagaaaagtga gagccacgct ggcagagaac cctaacctt ttqatgatca cgaggaagga 540
 cggcatcaa agtgaaggc tgaggaggt gctagcacct cttggctccc tgccatcagc 600
 cagatctqag acaggacctt gccacgctgg cctcttggc catacgtaa gctgtgggc 660
 10 cagttgatac ctgctggcag gaaatggctg ttttttaggt ttgtatttt gtgccgcccac 720
 ttttqtaagg cctggagat cccagggtcc tccacccctcc ccctgaccac atacaaggc 780
 actctagttc aagagtgaaa agtctcaccc aggaggaaca gcccctcctt aagcaatggc 840
 agggccagca gggaggtggg catggcaggg aatggagaga gtgagccaga cagacttcac 900
 ctccttactg gacacagggt caagggcgaq tttcaattgc tgctccctt actttctcta 960
 15 cctgtacta ctccctggac caatcctgag gaggcacat ttcccaagaag ccacgtatal020
 ggggctggtt tctgtggagc cagaggcaga gacactgaac ttgagctcac ctcctaacacl080
 cggcagtaaa cttcctggaa ctttgcctc aggtgcggag gggacagagg accctggcac1140
 tctgttaggg tgctgttagaa gactagattt atggtagttt ggcctgttag ttccctgttt1200
 ggccatgact ttgcagatq gcaagtcaca caccctcaaa gggaaagctac acgggccaal260
 20 tcgqgggagt ggggtgggaa ttttctccct tccctttctt actataataq tattaagacl320
 atatcagtc cagagatgag ttctggagcc ttgaattttt qtttacaaaa taattgttagl380
 tttctctctg taataacaac gctggaaagg cagagaacctt cttttatgct catgtcttgcl440
 atttatttagat atgactgttt ctcatgcctt tatgttccctt catgtaagta aagtggacctl500
 ttgtgctcaa aaaaaaaaaatt tcaagcttca ggaagggtt cccaaagggtt gacaatgttagl560
 gaacctgggt cactaattttt taccatcaa cctagcctta gtatgggat ggggcaagcal620
 gaaggagcta gttacaccc agtggtcagt tctctccagt caacaqaga 1669

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 355 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

ccggcctccc ctgcgtctga ggctcggggt cccagctcc gcgtaaactg cacgatttcg 60
 ccctctgctc agtcctccctc tgccccctt ttccaaagaga gacttccaga tcccacat120
 ttttgcgtga ttttgaagct gtctgtttgc attctgattt ggaacactgg gatcattttc180
 55 atcatgccga cagtgggtt aatggatgtt tcccttcca tgacccgacc tggtgttatt240
 gaggggtccg aggaatacca gcgtaaagacc tagcagccca tggtttacg atgcttggtt300
 tgagcacatg gccacaaatt acaagcttga atttacagca ttgtggttttca 355

(2) INFORMATIONEN BER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2628 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
10 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:42

25	gggtgcgcct gctttcgccc tccttctcca gcgggagggg cgccgacttc cgccccccgg 60 agtccgtcta gtgtcgtacgt tggcagccga acccaaagta gatcgaggcg gccccgtgca 120 cattcccggtt gttcggttgc gtttccttcc tctttcactc cgccgctcacq gccccggcca 180 aagcggcgcc gacggcgccg cgagaacgac ccggcggcca gttcttcc tcctgcgcac 240 ctggccctgct cggtcgtca gtcggcgcc ggcgcggccg ttgtgctcaq acctcgcgct 300 tgcggcgccc agggccagcg qccgtagcta gcgtctggcc tgagaacctc ggcgctccgg 360 cggcgcggcc accacagac gggctcgca gggctccag aggaggcagg cgagttagcg 420 agtcgcgggg gtggccgggg caggtgtgg cgccgcgaag atggtcgcca agcaaaggat 480 ccgtatggcc aacagagaagc acagcaagaa catcaccagg cgccgcaacg tcgccaagac 540 ctcgagaaat gcccccgaaag agaaggcgctc tgttaggaccc tggttattgg ctctcttcat 600 tttttgttgc ttttgttctg caatttcca gattattcaa agtatacgga tggcatgtg 660 aagtgtactga ccttaagatg tttccattct cctgtgaatt ttaactgaa ctcattcctg 720 atgtttgata ccctgggtga aaacaattca gtaaagcatc ctgcctcaga atgactttcc 780 tatcatgctt catgtgtcat tccaaaggttt cttcatgagt cattccaagt ttcttagtcc 840 ataccacagt gccttgcaaa aaacaccaca tgaataaaagc aataaaattt gattgttaag 900 atacagtagt ggaccctact tattcagtca attaagatgta agttttttt tgggttatt 960 aaaacagtagt gaacaatttag tctaactctg catagacagg gtctagattt tggtaaccc 1020 aatgtataac tgcagtttagc ttaaattaca atttgaagtc ttgtgtttt tatatagtct 1080 ggcactttat tactctttt aactgaaagc acactccctt ataggttcat gtaactgtcc 1140 tgtataaagg tggaaacaact acacagccta gtttgcac aaccttttagc 1200 atctaaaaag ttttaaaagc ttctaaatgt ctaatataaa gggagatgct tatagccac 1260 acatctattt taccatatt gttccatta cactacctt gatttgtcat gagttagtat 1320 agtaacccaa gatgccataa aaaaaaactt gatcgtttc tgacttaatc agttactgtg 1380 gtttcactaa aagctaccgt ggtggagtga agtcagtca ggaaggttt ttatgttac 1440 atttatttca ccagaactat ttaaatatat caaagggtt tactatgcca aacaaaattc 1500 tagggaaaaa tactgctaaa aatggatgcc tcatcagaac atgctgtga gtccaatgtg 1560 ccataagaca ttttagcatg ttaaatacgca cttaatagc aaaaaaaaaagg cacatcaact 1620 gcgaagttat ccttagttt caaatgttt ttcttagatta atgattttc aatcattagg 1680 gtactagaca catcagccta aagtggcatc tgaattgaa tggatttact gataatgatc 1740 agtcttttagt ctccctttt ttagatgact ttatagttt tgattgtatc aatttacgtt 1800 55 ttactaatgg taagggttag ggtcataaggc cagggtttgg gttttctagt actgttggaa 1860 actgcaagta ttggctattt gtatacttag ccataacttg gtaaaaaaa acctgagcag 1920 tgtctatgtt ttaatgcgtt ggaaagaaag ctgcttgggtt ttgctttgtt aattgcctca 1980 ggatatttct ttaaaaataa gctgtttaa gaggaacaga agggaaatct gctaccttagt 2040
----	---

5 ctatacacacg cgtgaac acaggggct tctgataccc tcaaaca agaacagtaa2100
 gggagcagag tggtaag ctttcaggaa cttactatt ctggataaag gaatgaatca2160
 actgaccttg ggccagcagg ttttaacta aattttact tgcccttctc acccagttaa2220
 tcagtctctg tactttttc ctttttggaa acaagtgtct tggtaacta attctgttt2280
 atggttgtgc taaattcata gcaggtgcct tatttttgc ttttagtcaa accattccat2340
 atcagaattt tccttggttt actatagata tttggctttt agttgttgtt tgtgttttt2400
 aatgtacaat gttctgataa atttgactgt taaattgtca tagctagcaa tcattttaca2460
 tatgtaaaat tgcattccct ttgttatttca tgtgttaattc accaattaag tgcagtttat2520
 attcaggttg gattatgcat gtttaggtaa acgaaagctg tgtcttactt gatttattct2580
 10 taaaaataaa agttccctga atatttggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2628

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2535 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 30 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

35 agttcgccac agggggagga acctggccct gggaggaggc tggcggtgc tcctacagaa 60
 tccccgttctg aagggaaagag catgtttgcg ggcgtcccca ccatgcgtga gagctcccc 120
 aaacagtaca tgcagctcg aggcaaggc ttgctgggtc tggatgttcat gacccttcctt 180
 cactttgacg ccagttctt ttctattgtc cagaacatcg tgggcacagc tctgtatgatt 240
 ttagtggcca ttggtttaa aaccaagctg gctgcttga ctcttgggtt gtggctctt 300
 gccatcaacg tatatttcaa cgccttctgg accattccag tctacaagcc catgcacatgac 360
 ttccctgaaat acgacttctt ccagaccatg tcgggtattt ggggcttgccttgggtg 420
 gcccctggcc ctgggggtgt ctccatggat gagaagaaga aggagtggta acagtacacag 480
 atccctacct gcctggctaa gaccctgtggc cgtcaaggac tggttcgggg tggattcaac 540
 45 aaaactgcca gcttttatgt atccctttcc cttccccctcc cttggtaaag gcacagatgt 600
 tttgagaact ttatttgcag agacacatgtc gaatcgatgg ctcaagtctgc tctggagcca 660
 cagtctggcg tctgaccctt cagtgcaggc cagcctggca gctggaaagcc tcccccacgc 720
 cgaggctttg gagtgaacag cccgcttggc tggatgttcat cagtcctatt tttgagttt 780
 tttgtgggg tacaggaggg ggccttcaag ctgtactgtg agcagacca ttgttattat 840
 50 cattcaaagc agtctccctc ttatttgtaa gtttacattt ttagcgaaaa ctactaaatt 900
 attttgggtg gttcagccaa acctcaaaac agttaatctc cttggtttaa aatcacacca 960
 gtggctttga tggatgttcat gccccgcatt gtatttata ggaatagtga aaacattttag 1020
 ggacacccaa agaatgtatgc agtattaaag ggggtggtaga agctgctgtt tatgataaaa 1080
 gtcatcggtc agaaaatcag cttggattgg tgccaaatgtt ttatgttggtaa aacaccctgg 1140
 55 gagtttttagt agcttgaggc aaggtggagg ggcaagaatgtt cttggggaa gctgctggc 1200
 tgggtgtgc tggccctccaa gctggcagtg ggaagggtca gtgagaccac acagggttag 1260
 ccccaagcagc agcaccctgc aagccagcct ggccagctgc tcagaccac ttgcagagcc 1320
 gcagcccgctg tggccagggg gtgtggcagg agctccctgc actggagacc cacggactca 1380

acccagttac ctca[5 gg gcctttctg agcaaggctc cga[gca ggccgcctg1440
 gctgagcgc accgc[ttt cccagctgca ctcgcctgt ggac[ccc gacacaccac1500
 tttcctgagg ctgtcgctca ctcagatttgc cgggttgc taatgc agccaaaatt1560
 ctttttaca atttgatg cttaccat ttgatctta tcctgtat[aaagtttct1620
 10 aacactgcct tatactgtgt tttttttt gggggagctt aactgtt[tgctccctgt1680
 cgtctgcacc atagtaatg ccacaagggt agtcaaacac ctctctggcc cctagaccta1740
 tctggggaca ggctggctca gcctgtctcc agggtctg cggcccagcc ccgagcctg1800
 ctcccttgg gcctctcatc cattggctt gcagggcagg ggtgaggcag gtttctgct1860
 ataagtgttt ttggaaagtca cttaccttt taacacagcc gaacttagtcc caacgcgtt1920
 15 gcaaataattc ccctggtagc ctactccctt acccccgaat attggtaaga tcgagcaatg1980
 gcttcaggac atgggttctc ttctctgtg atcattcaag tgctcaactgc atgaagactg2040
 gcttgtctca gtgttcaac ctcaccagg ctgtcttgc gtccacacct cgctccctgt2100
 tagtgcctgt tgacagcccc catcaaattga ccttgccaa gtcacgggtt ctctgtggtc2160
 aaggttgggt ggctgattgg tggaaagttag ggtggaccaa aggaggccac gtgagcagtc2220
 20 agcaccagg[ctgcaccaggc agcqccctcg tcctagtggg tttctgtt tctctggcc2280
 ctgggtggc tagggcctga ttcggaaaga tgcccttgca gggagggag gataagtgg2340
 atctaccaat tgattctggc aaaacaattt ctaagat[ttt tttgctttat gtggaaaca2400
 gatctaaatc tcattttatg ctgtat[ttt tatcttagtt gtgtttgaaa acgtttgtat2460
 tttggaaac acataaaaat aaataatggc gtttggta aaaaaaaaaa2520
 aaaaaaaaaa aaaaaa 2535

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 805 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

45 ggcacgagcg gcacgagcca tctccatccc cggagcatct gtatgattca gaagtacaac 60
 cacgatgggg aagcaggctg gctggaggct tttagccaag gggaaagtgt cctaaaggaa120
 cccaaagtacc aggaagagct ggaggacagg ctgcatttct acgtggagga atgtgactac180
 ttgcagggtc tccagatcct gtgtgacctg cacgatggct tctctgggtt aggcgcgaag240
 50 gccgcagagc tgctacaaga tgaatattca gggcgggaa taataactg gggcctgcta300
 cctggccctt accatcg[gg ggaggccag agaaacatct atcgcttattt aaacacagct360
 tttggctctcg tgccacctgac tgctcacagc tctcttgc tcccttgc tttgggtggg420
 agcctggcc tgccacccga gccacctgtc agcttccctt acctgcatta tgatgccact480
 ctgccttcc actgcagtgc catcctgct acagccctgg acacagtccac ttttccttat540
 cqccctgtgtt cctctccagt ttccatggtt catctggctg acatgctgag tttctgtggg600
 55 aaaaagggtgg tgacagcagg agcaatcatc ccttccccct tggctccagg ccagtcctt660
 cctgattccc tgatgcagg[tggaggagcc accccatgga ccccaactgtg tgcatgtggg720
 gagcgttgc gaacacgtt[ctttgcctgg tcagtgg[gc tgaggggta tagacagagc780

805

atgccacaca agccac ttaat

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1279 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

cggaaagtgc	cgcaggcatg	gcggcggtca	tgcgcgtgtt	gctctgctcg	tcctgttgct	60
cctggggccc	ggcgctgg	gcctgcaga	accccacgc	gacagcctgc	gggaggaact	120
tgtcatcacc	ccgctgcctt	ccggggacgt	agccgcaca	ttccagttcc	gcacgcgctg	180
30	ggattcggag	tttcagcggg	aaggagtgtc	ccattacagg	ctctttccca	aagccctggg
30	gcagctgate	tccaagtatt	ctctacggg	gctgcacctg	tcattcacac	aaggctttg
30	gaggacccga	tactggggc	cacccttct	gcagggccca	tcaggtgcag	agctgtgggt
30	ctggttccaa	gacactgtca	ctgatgtgga	taaatcttg	aaggagctca	gtaatgtcct
35	ctcaaggatc	ttctgcgcct	ctctcaactt	catcgactcc	accaacacag	tcactccac
35	tgcctccttc	aaacccctgg	gtctggccaa	tgacactgac	cactacttc	tgcgttatgc
35	tgtgtgcgg	cgggagggtgg	tctgcaccga	aaacctcacc	ccctggaaaga	agctcttgcc
40	ctgttagttcc	aaggcaggcc	tctctgtgt	gctgaaggca	gatcgcttgt	tccacaccag
40	ctaccactcc	caggcagtgc	atatccgccc	tgtttcaga	aatgcacgt	gtactagcat
40	ctccctggag	ctgaggcaga	ccctgtca	tgtatgtat	gccttcatca	cggggcagg
40	aaagaaaagac	tggccctct	tccggatgtt	ctcccgaaacc	ctcacggagc	cctgccccct
45	gccttcagag	agccgagtct	atgtggacat	caccacctac	aaccaggaca	acgagacatt
45	agaggtgcac	ccaccccccga	ccactacata	tcaggacgtc	atccttaggca	ctcggaaagac
45	ctatgccatc	tatgacttgc	ttgacacccgc	catgatcaac	aactctcgaa	acctcaacat
45	ccagctcaag	tggaagagac	ccccagagaa	tgaggcccc	ccagtgccct	tcctgcatgc
50	ccagcggta	gtgagtggt	atgggctgca	gaagggggag	ctgagcacac	tgcgttaca
50	cacccaccca	tacccggcct	tcccggtgct	gctgctggac	accgtaccct	ggtatctgcg
50	gctgttacat	ccactaccag	cctgcccagg	accggctgca	accccaccc	ctggagatgc
50	tgattcagct	gccggccaa				1279

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1923 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

	gcgcaagaca caggaggccc aggccggcaq tcaggacatg gcggcgattt gcagattcca	60
	atctctctgt ttctgcggcg attgaacacc caacattggc gaccgggatc gcgaaagtg	120
	atggctgtcg tccccggcgc tctctcagga caggacgtgg gatcatttgc atatcttaca	180
	attaaagaca gaataccaca gatcttaact aaggttatttq atacatttgc tcgacataaaa	240
	agtgaatttt ttgagaaaca cgaggagggaa ggcgtggaag ctgaaaagaa agctatctct	300
	ctcctttcta aattacggaa tgaattgcaa acagataaaac catttatccc ctgggttag	360
	aaatttgttt atactgatat atggaatcag tacctagaat atcaacagag tcttttaat	420
25	gaaagtgatg gaaaatcaag atggttctac tcaccgtgt tgttggtaga atgttacatg	480
	tatcgaaagaa ttcatgaagc aattatccag agtccaccaa tcgattactt tgatgtattt	540
	aaagaatcaa aagagcaaaa tttctatggg tcacaggaat ccatcatgc tttatgtact	600
	cacctgcaac aattgataag aactattgaa gaccttagatg aaaatcaag gaaagatgag	660
	ttttttaaac ttctgcagat ttcaactgtgg ggaaataagt gtgatctgtc tctctcaggt	720
30	ggagaaagta gttctcagaa taccaatgta ctaaattcat tggaaagacct aaaacccccc	780
	attttatttq aatgatatgga acatctttgg tcattgctt gcaattgcaa qaaaacaaga	840
	aaaaaaagctt ctgctactag agtgtatatt gttctcgata attctggatt tgagcttgg	900
	acagattttaa tattagccga cttcttqttg tcctctgaac tggctactga ggttcatttt	960
	tatggaaaaaa caattccatg gtttqtttct gatactacta tacatgattt taattggta	1020
35	attgaacagg taaaacacag taatcataag tggatgtcca agtgtggggc tgactggaa	1080
	gagtatatta aaatgggtaa atgggtttac cacaatcata tattttggac tctgcctcat	1140
	gagttactgtg caatgcctca ggttgcaccc gacttataatg ctgaactaca gaaggcacat	1200
	ttaattttat tcaagggtga tttgaattac aggaagttga caggtgacag aaaatggag	1260
	ttttctgttc catttcatca ggctctgaat ggctccatc ctgcaccact ctgtaccata	1320
	agaacattaa aagctgaaat tcaggttgg ctgcagcctg ggcaaggggg acagctcctg	1380
	gcctctgagc ccagctgtg gaccactgga aaatatggaa tatttcgta cgatggccc	1440
	ctttgacttg atttaggagc tctcagttgc atagaaagat ctggtagca cctttcatc	1500
	cccagaaaag gagcacgtga attgagtgc ctggcggctc tgtacgcgt cagggaa	1560
	tagttcttg gtgcccatct acgtgcactg gatgattttt cttttgaaca ttttgc	1620
45	ctacactgtt ttggggata gctgggttaa gcaagttaaa gatatttaca ttatattgg	1680
	agattttaag caactttttt ttcaagggtaa atatataatt tcaaagtgc tttaaatgg	1740
	ccttaattttt gaagtggta gggccaaaaa ataaaggag ggctccttgc agtaggtac	1800
	ccttggcctt tcctaaaaag cccctcaatg ggatttagat ccgggggggt gggttat	1860
	tccttggttt ggccatgaaa atccttgaa ccggctttagt ccctttgaa aagggggggt	1920
50	ttt	1923

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 706 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

cattttacga caggcggat tgggttgg ctgtcagctt tctccgttgt ctgagttgt 60
 ggctgcattt ttatctctgg tggctctgt acggcggcgc agaaatggg cagaagcgaa 120
 aaggagatct cagccctgtct gagctgtatca tgctgactat aggagatgtt attaaacaac 180
 tgattgaagc ccacgagcaq gggaaagaca tcgatctaaa taaggtgaaa accaagacag 240
 ctgccaata tggcccttct gcccagcccc gcctggtgga tatcattgtt gccgtccctc 300
 ctcagtatcg caaggctttt atgcccatagt taaaggcgaa acccatcaga actgctagt 360
 ggattgctgt cgtggctgtt atgtgcaaac cccacagatg tccacacatc agttttacag 420
 gaaatatatgt tggatactgc cctgggtggac ctgattctga tttttagtat tccacccagt 480
 cttacactgg ctatgagcaa cctccatgag agctattccg tgccagatat ggacccttt 540
 ccttacagga caaggacacc ggatttaggaa cagttaaaa caagttgggt tcgttagt 600
 gggtaatgt ggagttttt tggatgggg gtggaaactt tttggggccg ttccagagga 660
 ttacagatgtt atttttatcc cgaaatgtt cgtgatgggt tttccg 706

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 749 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

5 gacctatcct catctgtgca aggaggagtg gccaaactctg gagcccaggg tggcgcttcc 60
 tggctgggtg gtgaatcctc catagtctgg tgagtgttgt gccaaactct ggagcccagg 120
 atgttgccttc cccgtctgggt ggtgaatcct ccatagtctg gagatcttag ccctgctgag 180
 ctgtatgtgc tgactataagg agatgttatt aaacaactga ttgaagccca cgagcagggg 240
 aaagacatcg atctaaataa qgtgaaaacc aagacagctg ccaaataatgg ccttctgcc 300
 cagccccggc tggggatat cttgtcttgc cgtcccttct cagtatcgca aggtcttgat 360
 gccaagtta aaggcgaaac ccatcagaac tgctagtggg attgctgtcg tggctgtgat 420
 10 gtgcaaacc c acatgtc cacacatca ttttacagga aatatatgtg tataactgccc 480
 tgggtgggac ctgattctga ttttggat tccacccagt cttacactgg gctatgagcc 540
 aacctccatg aggagctatt ccgtgccaga tatggaccct tttccttaca ggacaaggac 600
 accggattag gaacagttt aaacaagttg gttcgttagt gtggggtaa gtgggagttt 660
 gtttgtggat ggggtggaa ctttttgggg ccgttccaga ggattacaga gttatttta 720
 tttcggaaagt ttacgtgtat ggttttccg 749

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 857 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

40 accttaccaa ggggagaaaa aaaccctcca ctttggctca ctgtgggtt ggcactaaga 60
 ggcacgatat ctgaaggagg tcattccagt tttaaaagta cggacagtgc tggcgact 120
 gaccacaaaa atgtattgtt aaaaaaaaaat tgaaaaccag cagtgatttgc ggtccccctg 180
 aaacctctgt gaatcggagg tggggccagg aggggtcagg acgcagcaga aatagtccca 240
 gaaaggagag acgggtcatg cagcgggctt gtgtttttt gtgtgtgtt gtgtgtttta 300
 caccatacat ctccaaatga agtatttatt aacaattgtt gtgttaaggct gtgataaaa 360
 agcacaaaagg ttctttaaag aagttcactt ttaaggcattc agaaaagtttta atgtggaaaa 420
 cattttaaatt aaaacatcatc aagtaaattt tattttaaac tttaggcctc tgaatttttc 480
 cagtaaacac agttcagcta tgtggcaag tcaatgggt gcattttttttt tgactttttta 540
 45 cattctacaa aaaaataaaa taaaataagg acacagcccc aaacgggtgc acctttcgc 600
 ggccgctcca catgcacaga atctactagg atttgtcactg gccgggtggc acccgatttgg 660
 ttttgactat acaacaaaact tttttttca aagtatttttgc tcaaggataac tttaaaaata 720
 50 atataaaaat aaacaatggg tttgactttt ccctcaaaat tgaaaagaaaa ggggtggggg 780
 gaggtgttaa ccattggct tttttttttt ggaggggccc cattgggatt gtaaggccct 840
 ggggttccgg ctttcc 857

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 268 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

ccgcgccccgg cccccaggca attttaataa taaatcttaa tagatggggt aagagctgcc 60
 25 ttcatcccat acagagaata caatggtgct agactaagta gagattttat ttca gcttaa 120
 agattctgtt tgatgtctga aattacatgt ttaggcggca tgggaaacag gactgttctt 180
 tagcatcagt ttcacaatta cttaatcta ctagtttca ttcacccat aattctgaaa 240
 tttcatcagc agtgggaaac agaaaagg 268

- 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:
- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 267 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 55 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

ctgatgtgca ctctaggtta gtaaccattt ttgtaaaaaa tttagagaaa ttcttgagc 60

5
 agcttccact gaaa~~ttt~~aa aacccaatag ggccaaaggc cca~~t~~ctg agggaaacctt 120
 atttattgtc taatccaaca taggctatga aagt~~ttt~~gag ttcc~~c~~tttg tgtattagaal 180
 tttcattccct attt~~ttt~~gta gagagtatac tacggggat cagtaaatta aatgaagtaa 240
 actaaagatt acac~~ttt~~gc tgctggact aagcgaaaag caaaaccagt ggctgtc 297

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 590 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (v) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vi) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

35
 acggtaaaaa tgataactca t~~gtat~~tttat tccaacaaca tttggtttat aaaggaatac 60
 aaacaggcac aaaacatgg~~t~~ tcagaagatt tattaagtaa acttgctaaa atatggacag 120
 atacacttag cagtc~~aa~~aca gttgaatatt cattgctacc tcattaaagt tttgtatct 180
 gtattaccag gtccaaacat aaaaaccacc tctgttcaaa aaataaaatgt tcagagagct 240
 gtatgttctt tg~~tt~~tctggta t~~gt~~tacattt aaaaaaacac ctctttccag tcttgcta 300
 caagaatatt agtcatataa aagaacttag aattttttcc cccaa~~gt~~taca agctatctt 360
 tgctccaaaa cagttctgaa ggtttat~~ttt~~ atat~~ttt~~tatc ttatccc~~g~~ag ggaccaacag 420
 caggcataacc tttgccag~~g~~ cttcttgc~~g~~ aaagacacag agccgtaa~~g~~ gaaaaataa 480
 aatt~~tg~~caata aagtat~~at~~gg tattgggggc agg~~g~~agaacc agaaacc~~tc~~ aagg~~gg~~gacca 540
 at~~ttt~~tagca cg~~tt~~ttttt ttaggg~~ttt~~a ccctgtggag taagaactag 590

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: () N

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

15	ggaaggggaa gtttcgcctc agaaggctgc ctgcgtggtc cgaattcggt ggccacacgt 60 ccgcccgtct ccgccttctg catcgccgct tcggcggctt ccacctagac acctaacagt 120 cgcggagccg gccgcgtcg gaggggggtcg gcacggggag tcggcggtc ttgtgcacatct 180 tggctacctg tgggtcgaag atgtcggaca tcggagactg gttcaggagc atccccggcga 240 tcacgcgcta ttggttcgcc gccaccgtcg ccgtgccctt ggtcgccaaa ctcggcctca 300 tcagcccgcc ctacctcttc ctctggcccg aagccttcctt ttatcgctt cagatttgg 360 ggccaatcac tgccacctt tatttcctg tgggtccagg aactggattt ctttatttgg 420 tcaatttata ttttttatata cagtattcta cgcgacttga aacaggagct ttgtatgg 480 ggcacgaga ctatttatcc atgctccctt ttaactggat ttgcacatcg 540 tagcaatgg 540 tatgcagttg ctgatgattt ctctgatcat gtcagtaactt tatgtctggg 600 cccagctgaa cagagacatg attgtatcat tttgggtttgg aacacgattt aaggcctyct 660 atttaccctg ggttatccctt ggattcaact atatcatcg 720 aggctcgta atcaatgagc 720 ttattggaaa tctgggttgg 720 catctttattt ttttcttaat gttcagatac ccaatggact 780 tgggaggaag aaattttcta tccacaccc agttttgtt 840 cccagtaggtt atcaggattt ggtgtgcccc ctgctagcat gaggcgagct gctgatcaga 900 atggcggagg cgggagacac aactggggcc agggtttcg acttggagac cagtgaagg 960 gcggcctcgg gcagccgctc ctctcaagcc acatccctc ccagtgtcg gtgcgccta 1020 caactgcgtt ctggctaaca ctgttgacc tgacccacac tgaatgttagt ctttcagta 1080 30 gagacaaagt ttcttaaattc ccgaqaaaaa atataagtgt tccacaagtt tcacgattct 1140 cattcaagtc ttactgtcg tgaagaacaa ataccaactg tgcaaattgc aaaactgact 1200 acattttttgcgttccctt ttctccctt tccgtctgaa taatgggttt tagcgggtcc 1260 tagtctgtcg gcatttagct ggggctgggt caccaaaccc ttcccaaag gacccttata 1320 tcttttttc acacatgcct ctetcccaact tttcccaacc cccacatttg caactagaag 1380 aggttggcca taaaatttgc ctgccttga caggttctgt tatttattga ctttgcca 1440 ggcttggca caacaatcat attcacgtaa tttccccc ttggtggcag aactgttagca 1500 atagggggag aagacaagca gcggatgaag cgtttctca gcttttgaa ttgcttcgac 1560 ctgacatccg ttgtaaccgt ttgccactt tcagatatt ttataaaaa agtaccactg 1620 agtcagttagt ggccacagat tggattaaat gagatacgag gttgttgct ggggtttgt 1680 40 tccgagtaag tgagaaggtg agtggattga ctac 1714
----	---

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

10	tcgcggccgc tcgagccgaa tcggctcgag ctaaaaagg gctacctgac cctgtcagac 60 agtggggaca aggtggccgt ggaatgggac aaagaccatg gggtcctgga gtcccacactg 120 gcggagaagg ggagaggcat ggagctatcc gacctgattt ttttcaatgg gaaactctac 180 tccgtggatg accggacggg ggtcgctcac cagatcgaag gcagcaaaggc cgtgccctgg 240 gtgattctgt ccgacggcga cggcaccctg gagaaggct tcaaggccga atggctggca 300
15	gtgaaggacg agcgtctgt cgtggccggc ctgggcaagg agtggacgac cactacgggt 360 gatgtggta acgagaaccc ggagtgggtg aagtgggtg gctacaaggg cagcgtggac 420 cacgagaact ggggtccaa ctacaacgac ctgcgggctg ctgcccggcat ccagccgcca 480 ggtaaccta tccatgagtc tgccctgtgg agtgacacgc tgccagcgtq gttttctctg 540 ccgcgcggcg ccagccagga gcgctacagc gaggaaggac gacgagcga agggcgccaa 600
20	cctgctgtg aggcgcctccc ctgacttcgg cgacatcgct gtgagccacq tcggggcggt 660 ggtccccact cacggcttct cgtccttcaa gttcatcccc sacaccgacq accagatcat 720 tgtggccctc aaatccgagg aggacagcgg cagatcgcc tccatcatca tggcccttcac 780 gctggacggg cgcttcgtt tgccggagac caagatcgga agcgtgaaat acgaaggcat 840 cgagttcatt taactcaaaa cggaaacact gagcaaggcc atcaaggactc agctttata 900
25	aaaacaagag gagtgactt ttgtttgtt ttgtttttt tggaaactgtg cctgggttgg 960 aggctctgac agggagccca gtccccggcc scatagtggt gcggccactg jaccccccgggl1020 ccccacggag gcccggctt gaactgttt ccatgctgcc atctgggtgt gatttcggtc1080 acttcagggca ttgactcaag gcctgcttta ctggctgggt cgtttttcc atccgacctcl140 gtttttttt tttcctatgt tctttgttc agtgaatatc cctagagctc ctaccatatgl1200 tcagggcccta tgcctcaccc tgagaacgca gtaagcatga aggtggaccc ggtttgctgg1260 gaacccggagg gctaaaccccc tttttttcc caaatttggt gccttggaaag aatcaggtcc1320
30	aqccctqaag atccttgggg 1340

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

35 ...

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 765 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

.gattgaa acaagatggc gggtcgtgg tgagaagccg tcaaggagta gaaattggta 60
 20 gcttagaa cagattcaa aacgatccc tcttcagaac atctttttt ataccacttg 120
 ataagcatct tggaaacacca tggctgtgc tgcaagtaaaa tgggtgatgt caaaagagaac 180
 tattttgaaa catttatttc cagtcacaaa tggagcttt tatttgttt gtcataaatac 240
 10 tacgttattct ctcttaccaag atgactataa ttgcaacgta gagcttgctc tgacttctga 300
 tggcaggaca atagtatgt accacccttc tggcacatt ccatatgaac acacaaaacc 360
 tattccctgg ccagatctcg tgcataataa tgaagaaaca catgtcaag tgctgaaaac 420
 gagattggaa gaaaaaggta aacacattga ggaaggacct atgatagaac aacttagcaa 480
 15 aatgttcttt actactaagc accgttgta tcctcatgga cggatcaca gatgtcgtaa 540
 gaacttgaat cctccaaaag acagatgttg cggaggtcc tggggaaatc aaagagaaat 600
 gtgcctcatt tggcatttga gaaaatgcag tctgggttat tcaagtaatat atagtaaaagt 660
 aataatgata aaataatctt tcatatatta gaatgtgtac ttttatataa agtaattctg 720
 jatttgacat tctcatttag ggggacctat tcctttttt gtttt 765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1647 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

gcagccggag taagatggcg gcgctgaggg ctttgcggg cttccggggc gtcgcggccc 60
 45 aggtgctgct gcctggggct ggagtccgat tgccgattca gcccagcaga ggtgttcggc 120
 agtggcagcc agatgtggaa tggcacagc agtttgggg agctgttatg taccgaagca 180
 aagaaacacgc ccactggaa cctccaccc tggatgtatg ggaccctcca aaggacacaa 240
 ttgtgaagaa cattaccctg aactttgggc cccaaacaccc agcagcgcac ggtgtccctgc 300
 gactagtatg ggaatttgatg ggggagatgg tgccgaaatg tgatcctcac atcgggctcc 360
 tgcaccggagg cactgagaag ctcatgtaat acaagaccta tcttcaggcc cttccataact 420
 ttgaccggct agactatgtt tccatgtatg gtaacgaaca ggcctattct ctatgtgtgg 480
 50 agaagttgtt aaacatccgg cctccctctc gggcacatgt gatccgagtg ctgtttggag 540
 aaatccacacg tttgttgaac cacatcatgg ctgtgaccac acatccctg gaccttgggg 600
 ccatgacccc tttttctgg ctgtttgaag aaaggggagaa gatgttttag ttctacgagc 660
 gagtgtctgg agcccaatgt catgtctgtt atatccggcc aggaggagtg caccaggacc 720
 tacccttgg gcttatggat gacatttatac agtttctaa gaacttctct cttcggcttg 780
 55 atgagttgga ggagttgtctg accaacaata ggatctggcg aaatccggaca attgacattg 840
 ggggtgttaac agcagaagaa gcaacttaact atggtttttag tggagtgtatg cttcggggct 900
 caggcatcca gtgggacctg cggaagaccc agccctatga tttttacgac caggttgagt 960
 ttgtatgttcc tggatgtttctcg agggggact gctatgataq atacatgtac cccatccccc

gtccctgaga attatcgac agtgtctaaa caagatgcct cctggggagaa108
 tgatgccaaa gtgtctccac ctaaggcagc agagatgaag acttccatgg114
 tc tcatcacttt aagttgtata ctgaggggcta ccaagtccct ccaggagcc120
 tgc cattggggct cccaaaggag agttttgggt gtacctggtg tctgatggca126
 ttc ttatcgtatgc aagatcaagg ctcctggtt tgcccatctg gctggttgg132
 tgc taagggacac atgttggcag atgtcggtgc catcataggt acccaagata1380
 tgg agaagtaat cggtgagcag gggagcagcg ttgtatcccc cctgcctatc1440
 tot gtggagcccg ttcttcactg gaaattggcc tctgtgtgtg tgtgtgtgt1500
 tggag aaatttcaat aaatttagccg cttggctgtc aggtttctg tgcatgtact1560
 aaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa aaaaaaaaaa1620
1647

(INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:
i) SEQ ID:

- i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1166 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCHE

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT.

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN

(vii) SONSTIGE HERKUNFT

SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57
accession

SEQ ID NO: 57

(2) INFORMATION UNDER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 487 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

25	ctcagatcg tggacgtgct cgcctccact cggggccagg tctatgtccc ggttccgc 60 agtgcgggc agggcgccaa ggccggcaagga ggaagggtgag cggtcaagag acctccaggal20 agagcggtc tcggctgttt gcattgcgcga tagagaagag aaaggatgca cgtcccaggal80 gggaggaact actccaactt ttccatatca gaaacaaaaga aaaaagatta ttcaagctgt240 gagggacaat tcattccta ttgttactgg aaatacagga agtgtaaaa caactcaact300 cccaaaaatat ctatatgaag cagggtttc acaacatggt atgattggtg taactcaacc360 acgaaaagta gctgctatat cagttgcgtca gagagtagct gaagaaatga aatgcacttt420 gggatccaaa gtaggatacc aagttcggtt tgatgattgc agttctaagg agacagcaat480 caaataat
30	487

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1630 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOT**E** < cDNA library

()

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

5 aaactgtgta atgcocccatg taatccataa aattttaact tttcccccta acgttttgc 60
 tgaaaaatgt tggaaacccc tcaacacgcc ttccctgaaaa caattaaaat acttgaacc 120
 tqtgaacct tcaaaaaaaaacc ctcaagggttg gaaaagaccc ccaaacccttc ttttaaggat 180
 catttgtctc gccccatcaca ggatcttgaa aatgtttccc tagggtgtgt aaaaattaac 240
 ccaggggggga atgaagcaca ttttctggc aacccaaactt gagttcctca gagaacagat 300
 10 gcagagagac ctgctccctgc ttgccccgtc acagggggca ctgtggagtc acactgaggc 360
 tgcgaccggc cataagccca ggagagcccg tggcagctgt gccgaggcgc caggacctct 420
 aagcggaaagc ttcccaagct aggaatggag caacactgca atgaaatgtg tccacccaagc 480
 tcattgttcc tcccggtgtc ttataaaagct cagatgtata gtgacgtatg gacaaataca 540
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gcctttcttt ctcacaggca taagacacaa 600
 15 attatatattt gttatgaagc actttttacc aacggtcagt ttttacattt tatagctcg 660
 tgcgaaaggc ttccagatgg gagacccatc ttccttgc tccagacttc atcacaggct 720
 gcttttatac aaaaagggggaa aactcatgc ctttcccttt taaaaaatgc tttttgtat 780
 ttgtccatac gtcactatac atctgagctt tataaqcgcc cgggaggaac aatgagctg 840
 gtggacacat ttcatgtcag tggcgttcca ttcccttagttt gggaaagcttc cgcttagagg 900
 20 ttctggcgcc tggcacacggc tggcacacggc ttatggccgg tcacaggcctc 960
 agtgtgactc cacagtggcc cctgttagccg ggcaaggcagg agcagggtctc tctgcatctg 1020
 ttctctgagg aactcaagtt tggcgttcca aaaaatgtgc ttcatcccc cctggtaat 1080
 ttttacacac cctaggaaac atttcaaga tccctgtatg gcgagacaaa tgatcctaai 1140
 agaagggtgtg gggctttcc caacctgagg atttctgaaa ggttcacagg ttcaatattt 1200
 aatgttcaag aagcatgtga ggttcccaac actgtcagca aaaaccttag gaaaaactt 1260
 aaaaatataat gaatacatgc gcaatacaca gctacagaca cacattctgt tgacaaggga 1320
 25 aaaccttcaa agcatgttcc ttccctcac cacaacagaa catgcgtac taaaagcaatai 1380
 tatttgtat tcccatgtat attcttcaat gttaaacagt gcagtcctct ttcgaaagct 1440
 aagatgacca tgcggccctt cctctgtaca tataccctta agaacgcccc ctcacacac 1500
 tgccccccag tatatgcccgc attgtactgc tggcgttatat gctatgtaca tgcagaaaci 1560
 cattagcatt gcatgcaggc ttcatattct ttctaaatgt gaaagtaata aaatataattt 1620
 gaaatgtacc 1630

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

35

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1272 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iv) ANTI-SENSE: NEIN

50

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

tgcgcgcgag cccgtgtc cacggcgccc agcagcgccg qcgccgg(ctgaacgcgg 60
 agggggcgga gggagccca ggcggcgca gagctacag cgaaatgg , gagaccgtgg 120
 ctgacaccccg qcgqctgatc accaagccgc agaacctgaa tgacgcctac ggacccccca 180
 gcaacttcct cgagatcgat gtgagcaacc cgcaaaacggt qggggtcggc cggggccgct 240
 tcaccactta cgaatcagg gtcaagacaa atcttcctat tttcaagctg aaagaatcta 300
 ctgttagaag aagatacagt gactttgaat ggctgcqaag tgaatttagaa agagagagca 360
 aggtcgttagt tcccccgctc cctggaaag cgttttqcg tcaagttcctt ttagaggaga 420
 tcatgaaata tttgatgaca attttatttg gaaaaaaa caaggctgg agcagttagt 480
 aaacaagggtc gctggcatac ctctggcaca gaacqaacgt tgtcttcaca tggttttaca 540
 10 agatgaaata atagataaaa gctatactcc atctaaaata agacatgcct gaaatttggc 600
 aagaaggggc aaaaacgtga ctattaatga ttgataagca ccagtgaaga agttctaact 660
 tttagcatgc tgcacagaaa ctggtataac atgccttcag tatactaaca ctcatatgct 720
 cagttttgtt ttgtttggc agttgacaag aagttatTT gctttagtaa aaatccctca 780
 ttccagcctt tctatataaa tagcttttc ttgctgttt aatgtggtgc acactatagc 840
 15 ctcacaaacc tggatttcca gtgtatctg cagtgtcgta actaaagttt ctggcttgg 900
 ctatattgc cagttttgc gtcttggttt cttcttgcatt ctgatttaact agaatatttc 960
 tctttcccccc ttttaatttg ttagtgcact tgacccatt tatgtgttagg agcactacac 1020
 cattggtttc caatactgca cacataagat acataacttgt gtgcagaaag tatcttcctc 1080
 caggcttgcata acccctca catgaaagat taatgaggga aatctttata ttctgtataa 1140
 20 aaacaaaagc aaatttatat actaaaatca tttgtctaaa aatthaagg ttttcaaatt 1200
 aaaaattaaa atgcatttct gatatgcaaa aaaaaaaaaa aagaaaaaaga aaaaaagagg 1260
 ggccggccgct ct 1272

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1914 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 30 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

tgcagcgcgt gcgtgctgcg ctactgagca gcccatttggaa ggactctgaa gcactgggct 60
 tcgaacacat gggcgtcgat ccccgctcc ttcaaggctgt caccgatctg ggctggcgc 120
 gacctacgt gatccaggag aaggccatcc cactggccct aaaaaggaaag gacttcctgg 180
 ctcggggcccg cacgggctcc gggaaagacgg cccgttatgc tattcccgatg ctgcagctgt 240
 tgctccatag gaaggcgaca ggtccggtagg tagaacaggc agtgagaggc cttgttcttg 300
 ttcctacaa ggagctggca cggcaagcac agtccatgtat tcagcagctg gctacctact 360
 50 gtgctcgaaa tgccatgtct cagctgctga agactcagtc tctcagagag 420
 ctgtcgtat ggagaagcca gatgtggtag tagggacccc atctcgatata ttaagccact 480
 tgcagcaaga cagccgtaaa cttcgtgact ccctggagct tttgtggtag gacgaagctg 540
 accttctttt ttccttggc tttgaagaag agctcaagag tctcctctgg gaaggcagag 600

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 608 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50	aatggAACCA	ggaattc tta	attaAGCCG	aaggTCCCA	gttcCCTTA	cgaaACGG	60
	aaattGCCA	aggAAAGCA	agaggGAAG	gaccAGTGT	acctCCAGT	ccagAGGTCA	120
	ctttgtGGAG	ccaaATGCGT	gacatGGGC	gtcGAGACTC	gGcatCTTCT	gtccccCGCA	180
	ttaatGACTC	tcaggAAAGGA	ggatGTAATT	caaggCAAGT	ttctaATTCC	gaagCTGCT	240
	gttcatGTTA	acaggACTTC	tttttatTCG	tcaagATGTA	ctggTTCCCT	ggcacCTTAA	300
	gggAAATCCT	gataAAAGCA	aacCTGTGA	gccatTTGGT	cccataGGAT	cccaggACCC	360
55	aagtCCTGTG	tttcatCGTT	actaccATGT	gttCCGTGAG	ggagaACTGG	aaggTGCCTG	420
	caggactGTG	agtGATGTCA	gaattCTGCA	aagTACTAC	gatcaAGGAA	actGGTGTGT	480
	gattCTTCAA	aaggCCTGAT	tatTTACCTG	aacACATCAT	atataAAAGAA	gaaatGCTCA	540
	ttttaaaaaa	aaagAQQQGA	taaattaATT	accCGTTAA	ttaaAGAGAA	aactTGTGGG	600

gaagtacc

608

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2674 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

	tgaagagaag	ttaaggtgaa	gagccgaaga	gcctgatgcg	tgatgacgt	ctaagaaagg
30	agaagcaaga	gcagagaaga	gagagagaaa	gaacggaga	gaaaaaggaa	agaaagagaa
	aggaaaagac	gaagggaaga	ggaagaaaaga	gaaaaaqaaa	gggctcgta	cagagaaaaga
	agaaaagagaa	gtcgttcacg	aagttagacac	tcaagccgaa	catcagacag	aagatgcagc
	aggtctcgaa	accacaaaag	gtcacaagt	agagaaaagaa	ggcggaggcag	aagttagagat
	cgacgaagaa	gcagaagcc	tgatcgatca	gaaagaaaac	acagatctcg	aagtccggat
35	cgaagaagat	caaaaagccg	ggatcgaaag	tcatataagc	acaggagcaa	aagtccggac
	agagaacaag	atagaaaatc	caaggagaaaa	gaaaagaggg	gatctgtat	taaaaaaaagt
	agtgtgaagt	ccggtagtgc	agaaaagcag	agtgaagaca	caaacactga	atcgaaggaa
	agtgatacta	agaatgaggt	caatgggacc	agtgaagaca	ttaaatctga	aggtgacact
	cagtccaaatt	aaaactgatc	tgataagacc	tcagatcaga	cagaggttaag	tgtattgttt
	ctcactttga	ttagggctt	ttgttactgt	ttgacagtgc	agcgtaaatg	tgcacagatg
	aagatggaac	taagccgagt	aagaagacat	acaaaagcct	cttctgaagg	aaaagacagt
	gtagtccctgc	aaaacatttt	gaggtacatt	gttttgtc	agctatttt	tagcagactc
	gtgccccccat	tagtgtgcct	ctttggaaat	tatcgcccac	attttaata	tagtcgccc
	tgaaaagttt	attatccctt	tttttagggat	tttgatgtca	tttctttttt	tttttaata
45	aaaaggttga	actgtttttt	ttttcttttt	tggtattaag	tccatctgt	gttggtacat
	tggcagagac	atatgtttta	aaaacttaaa	tatttcggag	gcacatgtt	gactactttg
	tttaattaa	actgttagta	tttctttgtc	aaggatgtt	ctagttttt	gttttattgc
	cttgcattct	aatgcagttt	gttctgtaac	tcgagagcc	gtagcattgg	attgtatggaa
	gtgttagggtt	tatgaattat	tgcaagctgac	taccataacct	cacacagcgt	tgggttgtgl
	agcggcccat	gaaaagccaa	attaaaaatc	aaggattcag	tcaaactaa	cagtgactcal
50	tgccaggtac	tcctttctct	acccacatcc	atgtttgaat	gctattgcct	gtgatcttal
	cgcttaactg	ttgtgtatct	tttttgttct	ttacaagaag	tgcagagggg	tttttgtgtl
	attgcgtgaa	aacttataaa	acaaatgtta	acagaatgga	attttttttc	aactgtatgt
	agggctgcag	tggtgccag	aatttagat	ctttaaagaa	ttttaaatac	aataaacact
	tcatattatt	cgccttgtta	cactcaatgc	aattctcaag	tctataaagag	gtatgtcctl
55	aatatttcct	actgtgttagg	agaatttgca	gtcagccata	ggtatgttagg	aatagtcaet
	caactggctga	tacatttaaa	gcagcagtgt	gaatagcaag	gacagacacc	ttcaatttgtl
	gaaatcaaag	aactgtatgc	ctatataagaa	cgaatttggg	tttttaaaga	aatattaaal
	gttaggtact	gtaaatgttc	ttaaaacctg	taaacttcat	tctgtggct	agtgggtgtgg

5 gacaaaatata tcctt ,aa aggaagtacc aatttagttga tttt gtg gcattccct 1920
 tttgggaaag caatgttaagg ttatgtctgt gtatgtcatt cacacccagg caagcataca 1980
 caggcacatg gctttaagaa ccacactgat gccttgataa taaaaaagaa tacaagcatt 2040
 ccatgtacac atgttaatta gcagtttagt actgggccaa cactttctca taaaattgg 2100
 10 cctttacat gttgtctaat tatcatttt ccccaaattt tgctgttagt gactactgtt 2160
 cgaagatttt tggaagaata ctgagaacgg cataaagtga agatcgacat taaaaaaatg 2220
 aggtgaaaga aagctatagt gcatagaaa aagtataaaq ctctagttgt ttttttatta 2280
 ttattattat taaaagttaa ttcaggactg atgtgaccta ccagatttca gaacatgtgt 2340
 taatagtata tatgccactg aaaacttagg tctgtatca tactttttc tttaagactt 2400
 15 ttaagaaaat attactaaa catgtggcct gctcagtgtt taattgcaag ttttcaatct 2460
 tgactttga aaacaggatt aaacgttagt attctgtgtga atcagactaa gtgggatttc 2520
 attttacaa ctctgctcta cttagcctt ggatttagaa gtaaaaataa agtatctctg 2580
 actttctgtt acaaagttga ttgtctctgt cattgaaaag ttttagtatt aatcttttc 2640
 taataaagtt attgactctg aaaaaaaaaa aaaa 2674

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 326 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

45 gacaaatgag ggtttggcat gcagctcgat atcttaagag ttactatctt cttgccctgg 60
 tgtttcgccc ttccactgtcc ccctgctgca gaccataaag gatggactt tgttgagggc 120
 tatttccatc aattttccct gaccgagaag gagtcgcccc tccttaccca ggagacaca 180
 acacagctcc tgcaacaatt ccatcgaaat gggacagacc tacttgacat gcagatgcat 240
 gcttctgcta cagcagcccc actgtggggt gcctgatggg tccgacaact gcatctcgcc 300
 aggaagatgc aagtggatta agcaca 326

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 888 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

ctcgtgcgg gatgttgagc agaagataca attcaaaaaga gaaacagcca gtttgaact 60
 gttacccac cagcccgaa ttgtggagat gaagaaaqga agcaatggct atggttctal20
 tctgaggcgca ggctcagaac agaaaggta aatcatcaag gacatagatt ctggaaagtcc180
 agcagaggag gctggcttga agaacaatga tctgttagtt gctgtcaacg gcgagtcgt240
 gaaaaaccctg gatcatgaca gtgttgtaga aatgattaga aagggtggag atcagacttc300
 actgttggtg gtagacaaag agacggacaa catgtacaga ctggctcatt tttctccatt360
 tctctactat caaagtcaag aactgccccaa tggctctgtc aaggaggctc cagctcctac420
 tcccacttct ctggaaagtct caagtccacc agataactaca gaggaagtag atcataagcc480
 25 taaaactctgc aggctggcta aaggtgaaaa tggctatggc tttcacttaa atgcgattcg540
 gggctctgcca ggctcattca tcaaagaggt acagaagggc ggtcctgctg acttggctgg600
 gctagaggat gaggatgtca tcattgaagt gaatgggggtg aatgtgctag atgaacccta660
 tgagaaggtg gtggatagaa tccagagcaq tgggaagaat gtcacacttc tagtctgtgg720
 30 aaagaaggcc tatgattatt tccaagccta agaaaaatccc tattgttccc tgcctggctg780
 atgccagttg acagccctgc aqgttctaaa gaaggaatag tggtgagtc aaaccatgac840
 tcgcacatgg caaaaagaacg ggcggctatt gcagacggct aatttätg 888

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 202 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ- () CHREIBUNG: SEQ ID NO: 66 ()

5 atcacagggg tacaaccaga acacatacag tacttgaaaa attatttcca cctttggaca 60
 cgacagttag cgcatattta tcactactat attcatggcc caaaaggaaa tgaaatacgat120
 acatcaaaag aagttgaacc tttcaacaat attgatattg aaatttctat gttgaaaaa180
 gggaaaggta ctaagattgt ca 202

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1225 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

35

gcccgggtgga ggcggcggct gcggcacgga aggggaagcg ctgaggcggt gggccccaca 60
 cccatggcg agctgttgca ggaggagctc tcggctctgg ccgcgatttt ctgcaggccc 120
 cacgagtggg aggtgcttag ccgctcagag acagatggga ccgtgttcag aattcacaca 180
 aaagctgaag gatttatgga tgcggatata cctctggaa tggtgttcca tttgccagtc 240
 aattatcctt catgtctacc tggtatctcg attaactctg aacagttagc cagggcccag 300
 tgtgtgactg tgaaagagaa gttacttgag caagcagaga gcctttgtc ggagcctatg 360
 gttcatgagc tggttctctg gattcagcag aatctcaggc atatcctcag ccaaccagaa 420
 actggcagtg gcagtaaaaa gtgtacttt tcaacaagca cgaccatgga tgatggattg 480
 tggataactc ttttgcattt agatcacatg agagcaaaga ctaaatatgt caaaattgtg 540
 gagaagtggg cttagattt aaggctgaca ggaagactga tgttcatggg taaaataata 600
 cttgattta ctacagggag acagaaacaa cctcaagggt tacttgattc ttcaaaaaac 660
 ctccaaagta gatgtggact caagtggaaa gaaatgc当地 gaaaaatgaa ttatgtact 720
 45 gtttgaaaca aaagtacaga cagaacacaa aaggttctg gcatttgaa tcaaagagta 780
 ttcagcgtt gatgaattac aaaaggaatt tggaaactgca ggacttaaga agctttctc 840
 cgaatttgta cttgtctgg taaaatgaaa tggaaagacag gaatcttta gtaaaatagc 900
 agtgtttttt gttttttt cattggattt ggggagtggt taattgaaat agtcaatttt 960
 aaagtttctc tgaagcaaaa tgataggcat cattctaact tcaggaacaa aagccagttc1020
 50 tggtttatga aatattaaac atgaagaaaa cttgttatatt tttatgtttt ccagggaaagg1080
 ctaggtttag ctagtgagac attatttaaa agataaaattt aaaaagatgg taaatgaac1140
 cttgttttta tagacaatat ttgtttgaaa ctatgtatt ttctggctaa tttcttgta1200
 attaaatgtat tttttaaaaaa aagaa 1225

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1093 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

25	gagggcgggc ctgtttccgg ggaggcgctg ggggctttag gcccagaacg gcccttgctg 60
	ccaccaacat ggagactttt taccgtgtcc cgttttagt gctcgaatgt cccaacctga 120
	agctgaagaa gcccggctgg ttgcacatgc cgtcggccat gactgtgtat gctctgggtgg 180
	tgggtgtctta cttcctcatc accggaggaa taatttatga tggttattgtt gaacctccaa 240
	gtgtcggttc tatgactgtat gaacatgggc atcagaggcc agtagcttgc ttggcctaca 300
	gagtaaatgg acaatataatt atggaaggac ttgcatccag ttccctattt acaatgggag 360
30	gttttagttt cataatccctg gaccgatcga atgcacccaa tatccccaaa ctcaatagat 420
	ttccttcttctt gttcatttggaa ttctgtctgtc tcctatttggat ttttttcatgt gctagagtat 480
	tcatgagaat gaaactgccc ggctatctga tgggttagag tgccttttagg aagaaatcag 540
	tggatactgg atttgcctt gtcaatgaag ttttaaaggc tgcataatc ctctaataatg 600
	aaatgtggaa aagaatgaag agcagcagta aaagaaatat ctatgtaaaa aacagggaaac 660
35	gtattgaagc ttggactttaga atttcttctt ggtattaaag agacaaggaa atcacagaat 720
	tttttttccct gctggcctat tgctatacca atgatgttga gtggcatttt ctttttagtt 780
	tttcattttaa atatattcca tatctacaac tataatataca aataaaatgttta ttatttttta 840
	caaccctctt aacatttttt ggagatgaca tttctgattt tcagaaatttt acataaaatc 900
	cagaagcaag attccgtaaag ctgagaactc tggacagttt atcagcttta cctatgggtgc 960
	tttgccttta actagagtgt gtgtatggtag attatttcag atatgtatgt aaaactgttt 1020
	cctgaacaat aagatgtatg aacggagcag aaataaaatc tttttctaat taaaaaaaaal 1080
	aaaaaaaaaaa aaa 1093

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 309 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

cacaaaagtga ttgttgtatg gaacaatatt ggagagaagg caccagatga gttatggaa 60
 tctctaggc cccaccctat ccctgtgatc ttcaaacaac agacagcaaa caggatgaga 120
 aatcgactcc aggtcttcc tgaactgaa accaatgcag tggatgtgtt agatgtgac 180
 15 acactcatca gcacccccaga ccttggttt gcttctcag tttggcagca atttcctgat 240
 caaattgttag ggattttttt cctagaaagc acgtctttta ctttcattca aggtatctac 300
 agttattgg 309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 380 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

ctcatctgat ccctttatg gccaaatcat cttcagatg aggaaacact cagacattct 60
 gtgcatttttgg ttcccccggaa gcatggatcacaaatgtcc tgagttctgg tggatgtgtcc 120
 45 cgccctctgg gtatacagag agaaggcagg aatcaggatg tccagaagca tatacatgtgl80
 gctaccccaag caacaagcgg catcctgtgc tcagataagc tgcatttttg ggaagtgttt 240
 ttccctcgac gttgaggctt agtggagatg ggcaccactg ccatttgctc agaagaaggc 300
 tggatgtgttc ctaactgcat cccacactgc ccagatcatt ctatgtatgtt tattttctga 360
 atgtttatag atttcttata 380

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1253 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

gccccccgac	tccagttagg	agccttgcgt	ccggaggggaa	cagtgggtcg	ccgagagcgc	60
ccggagggaa	ccgcctggcc	tccggggacc	accaattttg	tctggAACCA	ccctccggc	120
gtatcctact	ccctgtgccg	cggggccatc	gcttcactgg	aggggtcgat	ttgtgtgttag	180
tttggtgaca	agatttgcat	tcacctggcc	caaacccttt	ttgtctcttt	gggtgaccgg	240
aaaactccac	ctcaagtttt	cttttgtggg	gctggccccc	aagtgtcggt	tgttttactg	300
tagggcttcc	ccgcccggcg	cccccaagtgt	tttctgaggg	cggaaatggc	caattcgggc	360
ctgcagttgc	tgggcttctc	catggccctg	ctgggctggg	tgggtctgtt	ggcctgcacc	420
gccatccccc	agtggcagat	gagtcctat	gccccgtgaca	acatcatcac	ggcccaggcc	480
atgtacaagg	ggctgtggat	ggactgcgtc	acgcaagagca	cgggggatgat	gagctgcaaa	540
atgtacgact	cggtgtcgcc	cctgtcccgcg	gccttgcagg	ccactcgagc	cctaattgggt	600
gtctccctgg	tgctgggctt	cctggccatg	tttggccca	cgtatggcat	gaagtgcacg	660
cgctgtgggg	gagacgacaa	agtgaagaag	gccccgtata	ccatgggtgg	aggcataatt	720
ttcatcggtt	caggcttgc	cgccttggta	gcttgcctt	gttatggcca	tcagattgtc	780
acagactttt	ataacccttt	gatccctacc	aacattaat	atgagtttgg	ccctgcccac	840
tttattggct	gggcagggtc	tgccctagtc	atcctggag	gtgcactgt	ctccctgttcc	900
tgtctggga	atgagagcaa	ggctgggtac	cgtgcacccc	gctcttaccc	taagtccaaac	960
tcttccaagg	agtatgtgt	acctgggatc	tccttgcccc	agcctgacag	gctatgggag	1020
tgtcttagat	cctgaaaggg	cctggggctg	agctcagcct	gtgggcaggg	tgccggaca	1080
aggcctccgt	gtcactctgt	ccctgcactc	catgtatagt	cctcttgggt	tgggggtggg	1140
gggggtggcgt	tgggtggaga	gacaaaaaaga	gggagagtgt	gctttttgt	cagtaataaa	1200
aaataagtat	tgggaaacaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaa	1253

 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 439 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

15 ctaaggggag gacaggcaga aaccaggaat gccaaacttaa acctgtttgg tgctctgact 60
 gtttggtagt atcaacttca agaatgaaga gaaacctcaa cctttctgtt tccggccaacl20
 tttattgaat ttgtttttt aatgcagtt tacatgcagt ttctttgaaa agtcatgttg180
 aatttagatc tgttctctga gtaagacttq qcggatgtgaaacttgac tcaagttaca240
 tttctttttt tctgtcccccc aaacgttcac gcttcttata ggctccactt tgaggctctg300
 atgaacattc cagtgctggt gttggatgtc aatgatgatt ttgctgagga agtaacccaaa360
 caagaagacc tcatgagaga ggtgggaagg actttaactc ctgttttct ggtgggttcc420
 ctttgggttgt accttttaa 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1252 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 30 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

45 tggacctgcc cgacgcctg ctgcccact tgcccgct ggtggggcccc aacgagctga 60
 tcgtgctggg aaacaaagtg gacctcctgc cccaggatgc tcctggctac cggcagaggc 120
 tgcgggagcg actgtggag gactgtggcc gcgcggggct cctgctggcc cctggcacca 180
 agggccacag cgcccccgtca aggacgagcc acaggacggg gagaatccga atccgccc 240
 ctggtcccgc acagtggtca gggacgtgcg gctgatcagc gccaagaccg gctatggagt 300
 ggaagagttg atctctgcc ttcagcgctc ctggcgctac cgtggggacg tctacttagt 360
 gggcgccacc aacgcggca aatccactt cttaaacacg ctctggagt ccgattactg 420
 cactgccaag ggctcccgagg ccacgcacag agccaccatc tccccttgc caggtactac 480
 attaaacctt ctgaagttc ctatggca cccaaactc tacagaatgt taaaaggca 540
 tcaaagactt aaaaaagat: caactcaagc tgaagaagat cttatgtgac aagaacaaaa 600
 55 tcagcttaat gtcctaaaa agcatggta tgtcgttagga agagttggaa ggacattctt 660

5 gtattcagaa gaacaga ataaacattcc ctttgagttt gatgctg cacttgcctt 720
 tgacatggaa aatgaccctg ttatgggtac acacaaatcc accaaacaag tagaattgac 780
 tgcacaagat gtgaaagatg cccactgggt ttatgacacc cctggatta caaaaagaaaa 840
 ttgtatTTta aatcttctaa cagaaaaaga agtaaatatt gtttgccaa cacagtccat 900
 10 tgttccaaga acttttgtgc ttaaaccagg aatggttctg tttttgggtg ctataggccg 960
 catagatttc ctgcaggaa atcagtcaac ttggTTtaca gtcgtggctt ccaacatcct 1020
 ccctgtgcac atcacstccct tggacaggc agacgctctg tttcagaagc atgcaggta 1080
 tacgttactc cagattccaa tgggtggaaa agaacgaatg ggcaggattt cctcctcttg 1140
 ttgctgaaga catTAATGGT taaaagaaa gactgggggc aacctggaag cagtggccg 1200
 15 acatcaaagt ttcccttgca ggtaatttt tgccaagcac tttttaaaaaa gt 1252

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 695 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

45 tggtcattgc ctccctgagcg tagtccagtt actttcaggc tcggggagtg aaggcctcg 60
 tgagagaagg ttcatttcgg tgTTTggga agagagtcgt gtggggcccaag gtatcgttagc 120
 ggcgacacga gagagacggg cggtgtgaca gccttccact acctgcacga gtgtattgg 180
 ctgtctgcta tcaGCTATGC cgctgcccgt tgcgctgcag acccgcttgg ccaagagagg 240
 catcctcaaa catctggagc ctgaaccaga ggaagagatc attgcccagg actatgacga 300
 tggatcctgtg gactacgagg ccaccagggt ggagggccta ccaccaagct ggtacaagg 360
 gttcgaccct tcctgcgggc tcccttacta ctggaatgca gacacagacc ttgtatcctg 420
 gctctccccca catgacccca actccgtggt taccAAatcg gccaagaagc tcagaaggc 480
 taatgcagat gctgaagaaa agttggaccg gagccatgac aagtcggaca gggggcatga 540
 50 caagtcggac cgcagccatg agaaactaga caggggcccac gacaagtcaq accggggcca 600
 cgacaagtct gacaggatc gagagcgtgg ctatgacaag tccaggaacg ggattcggga 660
 ccgcgggtat gaccaagcag accgggaaga gggcc 695

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2514 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

	cggcgcacggc	gccccgggcag	ctgggaatcc	ggaatgctgc	ccgatggccc	tgggtcctcg	60
	ctgtggggca	atccgggctt	gcagacgagt	tttagaaaga	gcgtttcgc	tacgtaaagc	120
	acattcgata	aaggatatgg	aaaatacttt	gcagctggg	agaaatatac	tacccctctt	180
	gtcttccaca	aagcacaaag	ggcaagatgg	aagaataggc	gtagttggag	gctgtcagga	240
	gtacactgga	gccccatatt	ttgcagcaat	ctcaagcttc	aaagtgtgac	agcccaatq	300
	ctgttcatga	ggtggagaqaq	ggctgcccc	ggctgcatgc	tcttgcgtgta	ggacctggct	360
	tgggttagaga	tgtgcgcctt	ctcagaaatg	tccaggccat	tttggaaagtq	tcaaaggcca	420
	gggacatccc	tgttgtcatac	gacgcgggtg	gttgacttct	ctcctcctgg	ctcgactcc	480
	cggaggcct	gtgcgttgag	cacggctct	tgttctgtgc	aggatggcct	gtggtaggtc	540
	gctcagcagc	cgccctcat	ccatggctac	cggaaggctg	tgctcactcc	caaccacgtg	600
	gagttcagca	gactgtatga	cgctgtgtc	agaggcccta	tggacagcga	tgacagccat	660
	ggatctgtgc	taagactcag	ccaagccctg	ggcaacgtqa	cggtggtcca	gaaaggagag	720
25	cgcgcacatcc	tctccaacgg	ccagcagggtg	cttgcgtgca	gccaggaagg	cagcagccgc	780
	aggtgtggag	ggcaagggga	cctctgtcg	ggctccctgg	gcgtcctggt	adactggcg	840
	ctccttgcgt	gaccacagaa	aacaaatggg	tccagccctc	tcctggtggc	cgcgtttggc	900
	gcctgctctc	tcaccaggca	gtgcaaccac	caagccttcc	agaagcacgg	tcgctccacc	960
30	accacctccg	acatgatcgc	cgaggtgggg	gccgccttca	gcaagcttt	tgaaacctgal020	
	gcccgcgcag	accagaagta	aacaggcacc	ttggacgggg	qagagcgtgt	gtgtgatggg1080	
	aaaatccgga	cccacgcgtg	tgctgaaggc	gtacggtgct	tgccagattt	tcaacttgag1140	
	cataaaattgg	ttgcattga	gaatttaaga	atcttggata	ttgcagcttt	tggtaaact1200	
	taatgcatgg	ttggagatgt	tatggcgaca	ctaaacaaag	tattcctgaa	ctttccttag1260	
	ctccttggta	gtactggga	agacagaaaat	gaagaaaatc	acatgagaat	gaagaattct1320	
	ttagcagctc	aacagagttt	ctcggcctgc	tcccagatcg	gcgaagttc	tacttggat1380	
	tctctctgac	ggcgccttcc	gttccctctc	tgctccctt	ccctagttt	tcctccggca1440	
	gggagctggg	cagggttccc	cgggtgtctc	cctgagtccc	gactgcactg	actgggtccal1500	
	tcagagggct	gcttcgttct	ccagctcatc	ttcttttaaa	gtggtgacta	gcttggtggt1560	
	atctggctgc	tgggttttgg	cttattgaca	tactccaggg	taatcaatga	tgactttgtt1620	
45	tggaaaccct	tttggaggca	ccatgggaaac	agaaggaaac	atgagtgaq	ctgacccttg1680	
	agtgtgtggg	tggggagctc	tgagacgctt	cctgtcccac	gctctccgg	gtccgtgtct1740	
	acacaggggt	ccccatgata	cccaccggcc	ccagcagggc	agaccggacc	gggacgggc1800	
	acggtaagg	gctgcagctt	gggttctgac	gtggccccta	gtgctgtctc	aggagaaggc1860	
	tctggaggac	ttgaggcatg	ctgggcctgg	tgcagtgtatg	gctgtaagga	gaccggggg1920	
50	aagacagttt	cgtggtcacg	tatgctttag	aagcagcaca	gcccgttctt	taggatgtt1980	
	cgcgtccagt	aaagacactg	gtaactgcgg	tttcagccaa	cactttccat	ggcagtgtcg2040	
	acctcgggtt	agcttctgtt	gtctttgtgg	atggtttcc	tggagcggcc	tgacgttgcac2100	
	gtgttctctg	gtcccatgtc	ttagcggggc	atggtacggt	ttcgtgcctg	acgcgtgcac2160	
	taggggtttc	tcttatactt	tcaatgtatc	cttccacag	caagggccaa	accctcttg2220	
55	ttcccttcag	agttttttg	gcctgtatgt	gactcttgg	tgataccctg	tatgcagac2280	
	atgccccaga	tggattctac	tttctttaaa	actaggact	ttcaagatta	aaaaaaagat2340	
	tgtcactact	aatttgacgc	ctaacttcag	aagttcaact	gtctacatgt	gaactttcc2400	
	agaaaaaaactg	tgcacatggac	attttcttc	tgggaatta	acatctaaat	tctggtaact2460	
	attaaaaagac	agatctggtt	aatttaaaaa	aaaaaaaaa	aaaaaaataa	aaaa	2514

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 274 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

25 cagagatctg ctgtgattat tcctttcac aaaccacaat gactctggaa aacctggctg 60
taaacaccag cactgccacc agctaaggat ctgtgatcag gagtgccatc tcacggtaac120
aggcagaaga caaaaagtqaa accgggctqa tgcaaatcac tgggaaactg qctttggcac180
30 ctccagagaa tgaactgtt catagcctag ctgaccatcc atgaaaatgg ctgcctggag240
aggcagtgtat cagccccattc cctgcaaggt gaag 274

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 449 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

5 cgggttttagc ggcagctttt cgggattgtt tccattgccca ccctaaccgt gctggcctat 60
 gaacggtaca ttccgcttgtt ccatgccaga gtgatcaatt tttccctggc ctggaggggcc120
 attacctaca tctggctcta ctcaactggcg tggcaggag cacctctcct gggatggaac180
 aggtacatcc tggacgtaca cggacttaggc tgcaactgtgg actggaaatc caaggatgcc240
 aacgattccct ccttttgtgtt tttcttattt cttggctgcc ttgtggtgcc cctgggtgtc300
 atacccatt gctatggcca tattctatat ttccattcga atgcttcgtt ggtgtggaaag360
 atcttcagac aattcaagtg atcaagatt taaaatatga aaagaaaactg gccaaaatgt420
 gcttttaatg atattcacct tccctggcg 449

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

15

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 346 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

35

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

atataacatc tgaattggga gatagctcat tgtggcctgg gtgctggact tttcatatta 60
 agtccctgtct tagccaaggaa agaagaatgt aaggataaga ccaccaaatat cacaggggct120
 gtctgagcct ttacctgtga ttttgtacca ctctgtggcc ttctggagca atggacaacc180
 aagtcaagcta tgcaattttcat aaaagtggac ctggttatat gtcatccaa acgatatggt240
 ccctgcaagc ctgttttggaa agccaatatt ctataaccta caggaatcca cttgaatctg300
 atgtctttgg aagcaatata ttttcccagg gttccaaatgg actacg 346

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1329 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

6 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

15	cccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttatgtga ccaactgaaa 60 gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttcctccca gcacccctga tggcttaatt 120 cacctagcaag cccagtttag ctcagaggcc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcata 180 gtttgtacag tagacccca attcacagca agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc 240 atcgccatatt tcctaaagta cagtaatgtat cccgtcgtcg cctcaactggc tcaggacatc 300 ttcaaggagc tgcgtccagat tgaaggctgt cagggcccaa tgcaaatgag gctgattccc 360 actctggtca gcataatgca ggcccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca 420 ccattgatat cctgacaaca gtatgtacgaa atacaagcc tcccccttcc cagttctca 480 tctgccaagc ttccctgtct gtggcacagt gtacccctca cacagatgac aatgccatca 540 gtgcagaatg gcgaggatgt cttgcgggccc tatgtgtca gtcacccttga acaagtagcc 600 25 cagtggcatg atgagcaggc ccacaatggc ctgtggatgt tgatgcaatg ggtgagccag 660 ctccctggacc cccqcacctc agagttcaat gcccgccttg tggggccgcct tggggccacc 720 ctcatctcca aggcaaggcg ggaactcgcc gagaatctag accaagttct tcgtgccatc 780 ctcagtaaga tgcagcaggc agagacgctc agtgtcatgc agtccctgtat catgggttc 840 gctcatctgg tgcacactca gctagaacat ctctggagt tcctgtgtat cctcccaagga 900 30 cctactggca aacctgctct agagttgtg atggctgagt ggacaaggcg acagcacctg 960 ttctatggac agtatgaagg caaaatcagc tctgtggcac tctgttaatgt gctccagcat 1020 gcacatcaatg cagatgacaa acggctacag gataatccgtg tgaaggggaga ggagatctac 1080 agcatggatg agggcatccg caccgcgtct aagttagccca aaaacccaga acgctggacat 1140 aacattcctt tgctggtaaa gatcctaag ctgatcatca acgagctctc caacgtcatg 1200 35 ggaggctaatt gcccgtccgc caggccactc ctgcagagtgg agtcaag gtgcacgaag 1260 gcccccttact tcccaggaag acttttagcc tggcagatc aagttacaaa ttgtcaaatt 1320 atccaggaa 1329
----	---

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 805 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

gccccccatca gttogaattt ctgcagttag agcatctgg gttattgtga ccaactgaaa 60
 gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttccctccca gcattccttg tggcttaattl20
 cacctagca gccagtttag cttagaggct ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcac180
 10 gtttgtacag tagaccccgaa attcacagca agcatggaaa gaaaaatctg ccccttcacc240
 atcgccattt tcctaaagta cagtaatgtat cccgtcgctcg cctcactggc tcaggacatc300
 ttcaaggagc tgcctccagat tgaaggcctgt cagggcccaa tgcaaataatgag gctgattccc360
 actctgttca gcataatgca ggcccagca gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcac420
 15 cccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacacaagc cttcccttc ccagcttctc480
 atctgccaag cttccctgc tgcgtgcacag tgcgttcc acacagatga caatgccacc540
 atgcagaatg gcccggagatg cttgcggggcc tatgtgtcag tgacccttgg acaagtagcc600
 cagttggcatg atgagcaggc ccacaatqga ctgtgttatg tgatgcaagt qgtqaqccag660
 ctcctggacc cccgcacccctc agagttcaact gcccgtttg tggccgcct ttgtttccac720
 cctcatctcc aaggcaggc gggactcgg ggagaatcta gaccagattt cttcgtgcca780
 20 tccttcagtt aagatggcag gaggt 805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 420 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

45 accaggtcaa gctcaccctt aactattacc ttgcgttcat gtgttgcata accctgtgaa 60
 gatctccaaa gtcggaaatgca actgtcaagac tcagagaatg atctgtggcc cttaagata120
 aaaggctccc cctatcaaga cccttgcgttcc ttaacgaatg cagggaaaaca ggtctgccat180
 agctggaaatg aggtgggtgtg gacaactgaa tatcaaggct dgcacccctc aaccgggtgt240
 50 tgcgttcat taaaaccata cattcacttc actaaagaaaa gtaccccccataattgccag300
 tataaccaat gtaatccagt gcaaatttctt attctcatttcaacttctac tgaccctaaa360
 cctactttaa gttgcgttcat atggcatggg agccgaaata gcaggggcac atcttattgg420

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2143 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```

cggccgccc ttttttttt ttttttaagt tgaacagaac attttatttc tcagcaattc 60
tatgcgtaca aattaaacat gagatgaata gagactttat tgagaaaagca agagaaaatt 120
cctatcaacc ccaaggagga ctcaaagtga ggctggaaga ggacttagaa gaggatgaaa 180
gtactctaag attttatcta agttgcctt tctgggtggg aaagtttaac cttagtgact 240
aaggacatca catatgaaga atgtttaagt tggaggtggc aacgtgaatt gcaaacaggg 300
cctgcttcag tgactgtgtg cctgttagtc cagctactcg ggagtctgtg tgaggccagg 360
gtgccagcg caccagctag atgctctgtc acttcttaggc cccattttc cctctgaaaa 420
taagagggtt ggatcaaacg atctctgggg ctttagcatc tcaaattctg tggatcctcc 480
tacttacccc ttagagagcc ttactggaa gtcagtcatt aatgatgtgg ccagttat 540
gcaagtggta agagcttatt taccataat aatactaaga accaactcaa gtcaaaccctt 600
aatgccattt ttatttgtaa ttaggattaa gtagtaattt tcaaaattca cattaacttg 660
attttaaat cagtttgtg agtcatttac cacaagctaa atgtgtacac tatgataaaa 720
35 acaaccattt tattcctgtt tttctaaaca gtcctaattt ctaacactgt atatatcctt 780
cgacatcaat gaactttgtt ttctttact ccagtaataa agtaggcaca gatctgtcca 840
caacaaacctt gccctctcat gccttgcctc tcaccatgct ctgctccagg tcagccccct 900
tttggcctgt ttgtttgtc aaaaacctaa tctgcttctt gctttcttg gtaatatata 960
tttagggaaag atgttgctt gcccacacac gaagcaaagt aaataaagac cacaatgtt1020
caaattctaa gccacttaat agcgtttgt acattaaaaa tgacaagggt tattatacaal080
gtagccttt aaaaaattct cacacagaac agcttgtat ttagacttaa agctgttgct1140
actttgttag tgacgtttgt gttAACAGTC agtgcgttag gccattgatt gattgattgtl200
cagaatcaga agtgaactaca caagagcatt agccagactt ttcagtggaa acagtaaca1260
ggctggcacc agcacttggt acagcacgtg gacaggacga cggAACCCAG agttctctgtl320
45 ctctccttca cagcagatgg actttctat aggtggctgt taatttaacaa aaagttat1380
tccagaatca ggaagccccg tgtcgccaaac acttgaagga gaactatgtt ccagtttgg1440
tgttgaactt ctcacgaaat acctactacc aaaaattgtg acaccttatt agacacttcc1500
aaagtacccc ccaaaagctg tttaaaagac cattccattt tttcctacac aaagtgcata1560
ctaaaatttc acaataatca tcttcagatg tacattttat ttagtacatt tcacagttt1620
50 cagtattcag tccctcatga acattttata gtcatctttt cggccctgtt gtgaaatatgl680
tgattccagt tcaattcaga gtgtatgatt ccgccttca ogctgatcaa gtaatttat1740
ggtgtcttt ttctgatctt caacattaaa aacatctatg tttctgtcat tccctgcccag1800
ggctgcttgc ttgtctgtct cagattctgc ttcatttca tccatgttgt agtcatcttc1860
tcctctcaat ttctgctggc ttctcccttc cccggcagct tcctgctctt cctctgtcc1920
gtcggggatg acaagctggc ctcgctcagg gcccctccatc tctggattt cctggctcacl1980
55 tgacaggcga gcctgcaccc gtggggctg gcccagttt ccggctcccc cgaagcctct2040
tccacactaca ggtctgtctt caacacctgc tccccggctg gtcctgtcc gagcctgtcc2100
ctctgaggct ccgatcaaca ctgatctcat ggcccccttc cca 2143

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 450 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

25 tttttttaaa gccagctttt cttagatatt ttttgtggg caggcgtga aagacaggtg 60
 aggaagtaga tcttgggctc agcatgcctc taaaagtata atttctttt ttatgtgg 120
 aaagaaatgc ataactctgt ttctgttcct gtccccctct ctgcctctgt ggtgcctgag 180
 atactgggaa tcccacacgt ggggccactc agaggttacc aggaacgcct ccagtttgca 240
 tctggctgtt agtgcagga ccagaaaccc acagacctct tcacagacct cctgaccgtg 300
 atgtccctga agcctggaaag gtgtccacac aatgaagcag aattgagtga tgggtgttt 360
 tgtggaaaccc agtggaaactg tgttaacaca gtggaaactgt gtttatgg 420
 caagttccgt ggagttcatt gggcccg 450

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 408 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HE: UNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

5 tgcaactgtg caccaggctt gccagattt tccccattac acccccagtg tggcatatcc 60
 ttggccccca gaggcacacc ccttgatctg tggacctcca ggcctggaca agaggctgct120
 accaaqaacc ccagggccct gttactcaaa ttcacagcca gtgtgggtgt gcctgactcc180
 tcgcccagccc ctggAACAC atccacctgg ggagggggcct tctgaatgga gtctgacac240
 10 cgccagaggc aggccatgcc cttatccgca ctggcagggtg ctgtcgccc agcctggctc300
 agaggaggaa ctcgaggagc tttgtgaaca ggctgtgtga gatgttcagg gctagttcca360
 accaaqaqtq tqctccagat gtgtggggc ccttaacttgg cacagagt 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 311 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

tacagttttt atcagtgatc acattttagt gtaatacatg aaactgaggc ttgatagaaa 60
acaggagaga aggcattgagt gcatgggta catagggaga tgagggcaag catcaccaagl20
gagcggcagt gagatagacg ctctcatgga ctgctgctt acaacctccc tggagagcaal80
tttaaaaaata tgaatcaaga tcctttgat ccactaatca tccagaaatc tacacagaaa240
tatgcacaaa aatatgtggg catccattga ctttccaacc tcttcctttt ccagggggaa300
tattccttaa a 311

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 487 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

15

gtctttgaa atctgttcc actacagcta tggtaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
 agtcaactgcc aggctgcgg ttctcctgaa ccccagtggc cagaatcata agccctgacc 120
 ccataccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag 180
 atagcacata aaaatagagt tctttggca aaacttttg gaagcaatgc atcctacatg 240
 ggctgatatt cagcctgagc tggctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga 300
 aatccattct gattgggtgg agtctatgct ataccagttg taaaacattt tgagtatcac 360
 tcttgcatc tgttactatt atatccctc tatatataga cagaaaggcc atttttagga 420
 tattaaaggc tctgaaaatt tctgcagtag acccaactga aggttctatt aaggcagggt 480
 tcctaaaa

487

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1902 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

55

gaggaaaaag aacaatgaac agcaacgatc ttgactgtgc aactcagaca ttccctgcaga 60
 aaagacatat gttgctttac aagaaggcca aagaactatg gggccccc agcatttgc 120
 tggcattgc atagaatgaa taaaatatcc agttacttga atgggtataa cgcatgaatg 180
 tggatttta ttaggggcat ctgccaattc tctcaactgtg ttcccttc tgactttgcc 240
 tggcattcat ctaaggaggc tagatccttc gctgacttca ccattcctca aacctgtaa 300
 tttcteactt cttccaaatt ggctttggct ctttctcaa ctttccatt caagagcaat 360

ctttgctaag gagtaag atgtgaagag taccaactac aacaattt cagataatta 420
 gtggattgtg ttgtttgtg agagtgaagg tttcttggca tctgggtgcct gattaaggct 480
 ttagtattaa gttctcagca tatctctcta ttgtcttgac ttgagttgc tgcatttct 540
 atgtgctgtt cgtgacttgg agaacttaaa gtaatcgac tatgccaact tgggtggta 600
 5 acagagtaact tcccaccaca gtgttgaag ggagagcaa gtcttatgga taaaccctcc 660
 tttcttttgg ggacacatgg ctctcaacttgg agaagctcac ctgtgctgaa tgtccacatg 720
 gtcactaaac atgttatcct taaaccccccc gtatgcctga gttgaaaggg ctctctctta 780
 ttaggtttc atggaaacat gaggcagcaa atctattgct aagactttac caggtcaaa 840
 tcatactgagg ctgatagata tttgacttgg taagacttaa gtaaggctct ggctcccagg 900
 10 ggcataagaac acagtttctt gaatgtgcca tctgagaagg gagacccagg ttgtgagttt 960
 tcctttaaac acatgggtct ttctcaaag ttccctgcctt gctagactgt tagctctttg 1020
 aggacagggaa ctatgtctta tcaatcacta ttatcccctt gttacctagc atggacaag 1080
 tacacaacac atatgtgtt agtcttctaa aagactcctc tgattggag accatatctt 1140
 taattggat gtgaatcatt tcttcagttgg aataagagca caacggcaca accttcaagg 1200
 15 acatattatc tactatgaac attttactgt gagactctt attttgcctt ctacttgcgc 1260
 tgaaaatgaaa ccaaaacagg ccgttgggtt ccacaagtca atatatgtt gatgaggatt 1320
 ctgttgcctt attggaaact gtgagactta tctggatgaa gaagccagta ataaacctt 1380
 gacctgttt aaccatgaa gattatgaa atgttaatat gatgttaattt gctatttaag 1440
 tggaaagcag ttcttaagttt tagtatttgg gggattgggtt ttattttttt 1500
 20 tgaaaaatac tgaggatct tttgataaag ttagtaatgc atgttagatt ttagtttg 1560
 aagcatgtt ttttcaaat atatcaagta tagaaaaagg taaaacagtt aagaaggaag 1620
 gcaattat tattttctg tagttaagca aacacttgtt gagtgcctgc tatgtgcacg 1680
 gcatgggcccc atatgtgtga ggagcttgc taattatgta ggaagcaata gatctcggt 1740
 gttacgtatt gggcagatac ttactgtatg aatgaaagaa catcacagta atcacaat 1800
 cagagcttag ttatccccag ttagcttcg ttggggattt cagtttctgg qaacgagagt 1860
 tagggccatt ttattnaaaa qaaactccccg gttgagaccg gt 1902

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1048 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

55 ctcaccgtcg tctacaccgt gttctacgcg ctgtcttcg tgttcatcta cggtcagctc 60
 tggctgggtgc tgcgttaccg ccacaagccg ctcaacttacc agagcgtctt cctctttctc 120
 tgcctcttctt gggccctcccg gcggaccgtc ctcttcttctt tctacttcaa agacttcgtg 180
 gcggccaatt cgctcagcccc ctgcgttcc tggctgtct actgtttccc tggtgcctg 240
 cagttttca ccctcacgtt gatgaacttq tacttcacgc aggtgatttt caaagccaag 300
 tcaaaaatatt ctccagaatt actcaaatac cqqtqcccc tctacctqgc ctccctttc 360

atcagccctt tttt jtt ggtgaattta acctgtgctg tgc() aaa gacggaaat 420
 tgggagagga aggttatcg ctctgtgcga gtggccatta atgaucgct cttcgctgctg 480
 tgcgcgtct ctctctccat ctgtctctac aaaatctcta agatgtccctt agccaacatt 540
 tacttggagt ccaagggctc ctccgtgtt caagtgactg ccacgcgtgtt caccgtgata 600
 ctgctttaca cctctcgggc ctgctacaac ctgttcatcc tgtcatttt tcagaacaag 660
 agcgtccatt cctttgatta tgactggatc aatgtatcag accaggcaga tttgaagaat 720
 cagctgggag atgctggata cgtattatggagatgggtgt tatttttttggaaactctta 780
 cctaccacct tagtcgttta tttcttccga gtttagaaatc ctacaaagga ccttaccaac 840
 cctggaatgg tccccagcca tggattcaat cccagatct tatttttttgc acaaccctcg 900
 aagatatgac agtcatgtatg accttgctg gaacattgcc cctcaggac ttcaggaaag 960
 gttttgttcc agattactat gagttgggaa caacaaacta acagcttctt ggcagaagca1020
 gggacttttggaaagcctcaa agtttggaa 1048

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 804 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

40 gccccccatca gttcgaattt ctgcagttag agcatctggg gttattgtga ccaactgaaa 60
 gtctcagaga gtacccacgt gctccagccc ttccctccca gcatccttga tggcttaattl20
 caccttagcag cccagttcag ctcagagggtc ctcaacctgg tgatggagac cctgtgcac180
 gtttgcacatc tagacccccga attcacacga agcatggaaa gcaaaatctg ccccttcacc240
 atcgccattt tcctaaagta cagtaatgtat cccgtcgatc cctcactggc tcaggacatc300
 ttcaaggagc tgcgtccatgt tgaagccgt cagggcccaa tgcaaatggag gctgattccc360
 actctggatc gcataatgc gggcccgac gacaagattc ctgcagggtt ttgtgcgaca420
 45 gccattgata tcctgacaac agtagtacga aatacacaaggc ctcccttttc ccagcttctc480
 atctgccaag ctcccttc tgcgtccatgt tgcgtccatgt acacagatga caatgccacc540
 atgcagaatg gcccggatgtg cttgcgggatc tatgtgttag tgacccttgg acaagtagcc600
 cagtggatc atgagcgggg ccacaatggc ctgtggatc tgatgcaatg ggtgagccag660
 50 ctccctggacc cccgcaccc agatgttact gggccctttg tggcgccctt tggtccacc720
 ctcatcttca aggccggcgg ggaactcggtt gagaatcttgc accagatttc ttctgtccat780
 ccttcagttt agatggcagg aggt 804

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 581 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

- 5 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

tctttgatca gatttagtgt cttaggtaat taaatcagaa agtctattta gctattctag 60
 aagtgtatgt gtaggtattt ggtgggttggg gtttttttag cgaacttgtc agaaactccal20
 ttcttaacat cagaatcagg gcaggattta aaacatttgta gctggatctt gaaattgcta180
 taacatctat tgcaaaaaat gataggctcg atggatagca ataataatta tatcatcagat240
 cttagtaaca aaattaccaa gctttatcta gtggatatat gtaaaaagaat atttttaat300
 gtccagcatt gatgtatccc tttaagaat tttacagta tataaggcatt ctttggaaat360
 acagtataaa aacataaaatt ttttgcgtatt tttaattttt ttatttttt tggtaaggaa420
 tgaatcctcc cctgtaaaat attgattttc gcctaaattt cggggtttcc ctggcacata480
 atagcactgg ccccaacttc ggagatggcg gatgcgggta aaaagccaaa aggatggatg540
 gggatccgga aatacgtggt ggaatggaaag cgaatccaaat a 581

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

65 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

70 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

75 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

tggagatatt agtcagttc tttagtgata tttgtttctt tgatgtgcct tttgttttt 60
 ctttggggtt tttgaatcc ggatgctgtt gaaggcaat agcagactcc tccagctaag 120
 agacaggaca tggcttgag ccactgtac tggtaagct ggacaccaga cgctccctat 180
 5 aaaaaaaaaa ccagccata gcggtatgc atgtcactt ccacccacag aggagggtgt 240
 gaaggcttga gaacctcaag aaaggctgg attctgccat accttgggt ctaccttggg 300
 actgctgggtt gccaacgtgt caaccqgcct gtgtccctg ccacccacgc acttgctgag 360
 gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcatccaag gagttcaagg ccctgcttgg 420
 agaagaaata cttagcatc atgaaaggga aagaacgtgc accccctttt tgtttcttta 480
 10 gtgaatgcaa gattaataa aagtgaataa tgagttccc ctttggagt ggagcccagt 540
 gcaagctcaact gacagggtt acatcgtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgt 600
 gtaggtgtg tgccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aaggtggttt 660
 acctagctg tgtataattag acattgcccc cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
 15 aaaagaaaag tctatTTTGT taacgacagg ctctgttga tggttacta tcccaagcc 780
 ggattatTTT atttatttaa aagtattta atttccatat tggctttattt ctaatcccat 840
 ccatccctgt ggagctgcag agcatcttca tgtgagtaga cggatggaca taaatagatt 900
 catgtcatt taggaagctg ggagttcgt gaagctgagg gtgagttccct gtgattcttg 960
 ttcgcTTCAA caaaaagtgg gagaccaagt ttttatagca aaagaccaaa tttagctgt 1020
 20 agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttagggtt ttgtgaggat 1080
 tcagtgttta gcacagtgc tggcacatag taagccctag taaatgtta atattgttati 1140
 tagtgtttcg taaaacttga gaaatagac tgagctcatt cccttcctgt tgattcaaaa 1200
 ataatacccta catgaaaaca tgattccaa ttgattgaat gtttaggaa ttactggtti 1260
 aqagttagccc agttctcgcc ctaccctgt ggtagggatc ttactgtatt cttagatgc 1320
 ctgggtttagaa aatatgccc agttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatg 1380
 actccagctg gaaaaggtaa aggtgacett tggtagcca catactggac cttaacccac 1440
 tgacgtctt cagaacattc caagggtttt cctcaaggaa catttttagg ctagaaattt 1500
 aaatgggttc tctggcagac tgccacccctt gagtcaaaat taacagtatt ctttgaatg 1560
 caataataga ggctttctg cgttaaggga gaaggaatga ccaattgaac ttacacattc 1620
 30 cccaggcagg tccctttgc ggccccatca ggctgggtg gcccctcctg tcctcaggga 1680
 tcagactccc agactggta gttctgeatg tttccatcaa attaaagggtt attccctggc 1740
 cgcctcctgg agaaaacca cccccccctg ccagctgggg gcaatgggc agggattttg 1800
 gcctctcaga acagctccca gaggctgctc atgactgaat gtttcccaa atcacctaaa 1860
 tatacqgttq ctttttgttt tggggqaqag gatttagctt cttacttccc tgatggattc 1920
 35 aaagttttat ctatctccctt atctctgcct ctgtttggc acaactctgg atagattgca 1980
 ggtgtggaaat ttgctggagt ttggggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaaagaga 2040
 ag 2042

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 430 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 55 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

5 gttaaaaacc tagtattcat ttttttttt cctgtaccaa aacaatcatc ttcctttatt 60
 tttcctggag cgggaaagg aggaggaga agaagggaag aatgcaaagt gtcactttga120
 acttctcgat caccacacac gtgggagttc actcatgtca gcagcctccg tgcacaggcc180
 ccaggtgaaa gaaagaatga ggtctagttt gaccagctaa cactgcctgc cttgtgtta240
 cgaaaggcag ctgcctctgt ggtgtgattt caggggagcc agacaggccc gggggcacga300
 acctgcaccc tgcatcctaa gcaccttattt gccatgcggt gaggcttaac ttggaaact360
 10 tcaatttgct tgggtgcag attagcttc caaactattt tgatgctcat gcttgacttc420
 ccaaggactt 430

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 592 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (x) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

40 aattaaaata aatagaaaaca tacggagatt cttttatgtt ggatttatttta taccctccac 60
 cattttggtc cctgaaaagg gaaaagatac acgggtcgagt agtacaggta tgggtttccc120
 actacacatt atggctataa tggagttgaa ttgcaaacag taaaattttt ttttggattg180
 gttccccctg atccccccag acaggagctt cctctccac cctacctgcc tgcccttaag240
 tttgtgtctta ttaaactgga cacaatctc accggctttt agtctaataa ttgaatcata300
 gctacacacg gtgacaccag aatagctact tggttttta tggttaccagt gagtaacttg360
 tttatccctt tatgtagaaa ctaatttcac catgatcaca gatctgtgt acaatctctag420
 tttgaatttc cacacaattt taaaatgtct actagaaaaa cttacacctt tttgtccaa480
 gggtgtctt catctattaa aaccgtgggg gcataacttcc agtgttgctt ctgagggcca540
 45 aattttgtgg gtcgtgggg acaattttgtt attaacatac gttattttgtt aa 592

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 674 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

aaggccgcgc aagtgcactt gcgtgtcacc gttaccgtag cgactgggtct tctggactgt 60
 atatcccttagc tgccttgtca acatcttcga gcacatcgccag ctcccgagggc cggggtaact120
 ggcagcagggt aggaaactat gtgaaaagaat ctcctgtatgt cataatttcc ggggtgtcacc180
 ggaacatttg atcatcatttcc ttggcaat tccagccttc tggaaaygg ccagtagaaaa240
 gcatgttattt attcaccttcc acaggaatca gactcagecct tttttgggtt tcagtgaagt300
 atgccttttc aatttggAAC ccagccaagg aggtttccag tggaaggagg agattttca360
 attgagctgg aacctgggtct gagctccatgt gctgcctgtatggaaagga gatgtcacca420
 accaggcaac tccggaggtt ccctggaaatg cattgcctga caataactga tggcccgtc480
 actgtttatg caacaacgag aaaggccaccc gcacaaagca gcaaggaaat gcatcctaaa540
 tagcaccatt aagtcttttgc tcaaggtctg actaggtcaa gggtaatggca ccagtatcat600
 ctgggtatct ggttaaacaaa taaaagtggc ggcaccttta gatgtgaaa aaaaaaaaaa660
 674
 30 aaaaaaaaaaaaaaaa: aaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 324 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

5 gttctttca ttccatcaact ttaggtgatg ggtaagattt tgaaagcct tatattttt 60
 gattttgttg tctagttaa tcctacctt aatagttgtg ttggtaaaa ttcccacttg 120
 aatgtgacac tgataataat tatgctgatt ttagcatct cttataggaa tcaaagtta 180
 ttaaagttac atagaggatt gaaaaatgta tatactcaa ttttatcta aggagggata 240
 gggtataaaag ggaggtacct aaatagctca aataatggat ataatcctt tttccataac 300
 catttggat gcttaaggc aatt 324

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 709 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 15 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

35 gcatgcggca ctataacatc cccgtcaagag tgggtgagga gaccagtcta tgagagacgc 60
 atgctcctga cagcctggcg acgtggcgaa gatgcacagg tggctcctgg gcttggctg 120
 cagggttggg ggtctctaag aacaatctt gagaagaacc cttggggcccc tgggagcca 180
 gttggacagg atgtcctgaa gactagctt tgataagaga aattaaccaa gtcttcccc 240
 tcatctatga tgcaatatat ttcaagtggg gccttcagag cacacctgtt ggacggtgca 300
 aaccatatct tctccagaag gcaaatactt ttgtatcaga gaaaaactcag ttttgagag 360
 gaatatgttc tttatatctc aaatcaaaaac tctctctaat ggtaaaactgg cttctaattt 420
 tttaagtagt acgtattttt ttcccctt agtagtaacg ggtttctata gatcttccta 480
 tacagtctgc tttactcg gaccttgaga ttatgagact gacgtgctgc ccactgcact 540
 gagggggctt ctaacagtct gctttaagtg gtataattct gggatagatc tgttactggc 600
 atagtcatga caacctctgg taatcttacc ttctccttt tatgaaggg agagcaatgg 660
 45 tttggactt catctaaattt aaggctatgg taagcagatt gtttgccaa 709

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 562 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

```

gtccagatgg aatgactccc atcctctcct catctcccct ttgacgagcc tcaaactgct 60
cagctcatca aagagccatt gccaacttcc gtatgtggtt ctgggtccca gggagccttg120
gaacacctggca ccctgggggtg gtttaattcc ggcacgagag cattcctgct tctcaaggaa180
cacagtggcc tgcattggcc agcatggacc ctgggctgtat catgtgcatt cctgcttc240
tggggacaca qttggccacat gttggccacat qttggaccctg ggcttagagca agcacatctc300
catctcttcc acctcaaggca gtgtggctcc agatgtcagg agggactgac ctcaaggacct360
tccagggtcc tetgtgccag gaatgagagg ccaggcccgat tcctaccacc tcgccttgac420
cctgaagtca gagcaggccca gccaagcagg aagcacactg ttttaatttt tgcatggaaa480
gtaaatgtgt actttgataq ggtttaaaata tggtttttt taagttgctc aacccataa540
ttttagccat tgccttgcctt aa 562

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1948 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

55

```

gatcaccaag acacacaaag tagaccttgg gctcccgag aaaaaaaaaga agaagaaaagt 60
ggtaaaagaa ccagagactc gataactcaat tttaaacaat gatgattact ttgtgtatgt 120
ttctccttta agagctacat cccccctctaa gagtgtggcc catgggcagg cacctgatgt 180
gcctctatgtq aaaaaaaaaga agaagaaaaa gaagggtgtc agcacccttt gcgaggagca 240

```

ttagaaacct gagacca tgcctgctag acggacagag aagtca 300
 gcagggttt ggccacttgg agttcctcag tggggaaaag aaaaataaga agtcacctct 360
 accatgtcc catgcctctg gggtaaaac ctccccagac cctagacagg gtgaggagga 420
 aaccagagtt ggcaagaagc taaaaaaca caagaaggaa aaaaaggggg cccaggaccc 480
 5 cacagccttc tcggccagg acccttgggt ctgtgaggcc agggaggcca gggatgttgg 540
 ggacacttgc tcagtggga agaaggatga ggaacaggca gccttggggc agaaacggaa 600
 gcggaagagc cccaaqaac acaatggaa ggtgaagaag aaaaaaaaaa tccaccagga 660
 gggagatgcc ctcccaggcc actccaagcc ctccaaqtcc atggagagca gcccttaggaa 720
 agaagtaaa aagaagccag tcaaagttga ggctccggaa tacatccccca taagtgtatga 780
 10 ccctaaggcc tccgcaaaga aaaagatgaa gtccaaaaaag aaggtagagc agccagtcat 840
 cgaggagcca gctctaaaaa ggaagaaaaa gaaggagaga gagagtgggg tagcaggaga 900
 cccttggaaq gaggaaacag acacggactt agaggtgggt tgaaaaaaa aaggcaacat 960
 ggatgaggcg cacatagacc aggtgaggcg aaaggccttg caagaagaga tcgatcgca 1020
 15 gtcaggcaaa acggaagctt ctgaaaccaq qaaqtggacq gaaacccagt ttggccagtgl080
 ggatactgct ggttttggaga acgaggacca aaaactgaaa tttctcagac ttatgggtgg1140
 cttcaaaaac ctgtccccct ctttcagccg ccccgccagc acgattgcaaa ggcccaacat1200
 ggcctcggc aagaaggcgg ctgacagcct gcagcagaat ctgcagcggg actacgaccg1260
 ggccatgagc tggaaqtaca gccggggagc cggccctcgcc ttctccaccc cccccaacaal320
 gatcttttac attgacagga acgcttccaa gtcagtcaag ctggaaagatt aaactcttaga1380
 20 gttttgtccc cccaaaactg ccacaatttc tttgatttattt ccatttatgc tggagattac1440
 aaattttttt tggaaaaaaa tcaaatcttgc gtgaggacct cgagcagtaa gatataatal500
 actcccataa gcttagcgtt caqtaatgg aacacttaggc ataaatggg tattcagttg1560
 tgcaaatgaa agccatctqa caqttggctc acattgaaca cctgtggaga ttaaggacgaa1620
 qgacaactat attgatggc ttggatgaaac tggggcaggc cagctcatat ttccggagcc1680
 aggagaacga gtgagtgcata aacctccctg ttttctgtgt taaacattcc gtccctgtt1740
 gagacatcaq tatgtacagt taactttgt tgagtgttta gcaggtacta gggacataact1800
 agtgtttcc ttaatgtatt taatcttcat aattatgaaa tgggtqctat tattagcccc1860
 attttataga tgggcaact qaggttcaagg qataaagtaa taaaattgcc tgggtcacc1920
 cagccactaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1948
 30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 483 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

55 aatttatggg gtctatctt gaccacgtga taccacttac ctgattctat gtactgatta 60
 atgtatctaa cagtttata gtgaaaatgc tttaaaaaa agtatttggaa tggtcatttc120
 tattttccc ctttgctgt acaagttat ttactcat ctttgctgt acaaattaac180

ttcatcaat acaa ga ggctagttt aagtcaattt attt atg agccaggaa 240
 caattaaatt ctatac gta atgtattaaa atagtagact ttaa tta ttttccttct 300
 tttttctct ttaaatttttta agaccatcat aataaattat cattacaaag tcaaacatac 360
 tatatactac tatcaatcgaa tggggaaaaa ataagtccat atgtttatg ggtaaaatgc 420
 tgtaatagat tgggattgtc caatttgccc tggaaaaat cacagcagt ttttaggttc 480
 cct 483

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 437 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25 (v) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

cccgctttag gcttaggggg tggcgctctc cgttcggcg cgctccatg ggcacatta 60
 ccattaaacca gtacctgcag caggtgtacg aagccatcga cagcagagat ggagcatctt 120
 gtgcagagtt ggtgtttttt aaacatccctc atgttgcaaa cccacgactt caaatggcct 180
 35 ctccagagga gaagtgtcaa caagtcttgg aacccttta tgatgaaatg tttgcagctc 240
 atttaagggtg cacttatgca gtgggaatc atgacttcat agaggcatac aagtgccaga 300
 ccgtgatagt ccaatcatc ttgcgagcat tccaggccca caaagaagaa aactgggctc 360
 tgctgtcatg tatcgttag cgcttgaccc ttcgagtgtt tgccaataat gcagttcaac 420
 cagttggta aggaagg 437

70 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

75 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 359 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

80 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

85 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

90 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

cagatctagg ggcttcagct gtgtgcagac cccatgccac ttcaggaaag tgacacaggc 60
 ctgtgtcata tcgcttggc agcaggtggg tggccttct caggggagga ggtggcctg120
 gatgtgtttc aggtcttga cccatcaactc cttcacacaca cgacgtgaac accactcctg180
 gagcattctc agaatggaga tttgaattcc atgtggcagc ttctcacaca caaacctgcc240
 atcattcccc acacacccac tcacgacatt caacagccat gagccaaaag aagtccctg300
 tttcagatttta gaaggtttta tgaatccact tcttcggat gtagctttt aatgatttt 359

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

25

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 501 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

35

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

50

tcggcgtaac atcctgagtc gcgcctctgc cgaggcggag cggacatgca ggctccccgc 60
 ggcaccctag tcttcgcctt ggtgatcgcg ctcgttcccq tcggccggga accttctagc120
 caaggatctc agagtgcattt acagacatat gagctggaa gtgaaaacgt gaaagtccct180
 atttttgagg aagatacacc ctctgttatg gaaattgaaa tggaaagagct tgataaatgg240
 atgaacagca tgaatagaaa tgccgacttt gaatgtttac ctaccttgaa ggaagagaag300
 gaatcaaatac acaacccaag tgacagtgaa tcctaaacct gaatggcgct catgtttcc360
 aagagaagca gcccctgagg gagtctgctg aggctgccaa cagaggatga agaggataca420
 aatttaatta atttcaaatac aacatagaca caagaacattt ttgctgtttc ttccaacgcc480
 cactcttctt aatgatggca t t 501

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

55

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 102 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 15 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

	cgggatctcc	cgaaggaaatt	tacggggatt	cctcgacca	ttatcctcaq	gcaagaaaaca	60
	aaacccaaact	tggactctcg	tgcagaaaat	gtagcccatt	accacatgta	gccttggaga	120
	cccaaggcaag	gacaagtaca	cgtgtactca	cagagggaga	gaaagatgtg	tacaaaggat	180
25	atgtataaat	attctatcta	gtcatacctga	tatgaggagc	cagtgttgca	tgatgaaaag	240
	atggtatgtat	tctacatatg	tacccattgt	cttgcgttgc	ttgtactttc	ttttcaggtc	300
	atttacaatt	gggagatttc	agaaacattc	ctttcaccat	catttagaaa	tggtttgcct	360
	taatggagac	aatacgagat	cctgtatgtat	ttccagtaga	catggcctt	taatctaagg	420
	gcttaagact	gattaqtctt	agcatttact	gtagttggag	gatggagatg	ctatgatgga	480
30	agcataacca	gggtggccctt	tagcacagta	tcagtagccat	ttattttgtct	gccgccttta	540
	aaaaataaccc	attggctatg	ccacttggaaa	acaatttgag	aagttttttt	gaagtttttc	600
	tcactaaaat	atggggcaat	tgttagccct	acatgttgc	tagacttact	ttaagtttgc	660
	acccttggaaa	tgtgtcatat	caatttctgg	attcataata	gcaagattag	caaaggataa	720
35	atgccgaagt	cacttcatttc	tggcacacagt	tggatcaata	ctgattaagt	agaaaatcca	780
	agctttgctt	gagaactttt	gtaacgtgga	gagtaaaaag	tatcggtttt	attctttgct	840
	gatgtcctt	ctgcttggaa	taacagtac	catacagcta	aaggagagga	gtttctttcc	900
	ttcttaagtag	gcagaaaatgg	tatcattatg	ttgcgcgtct	ccaatctccc	agagctcgct	960
	ctcttagagaa	tcacccctt	tcgcgtttt	ttttttttt	gagggttagga	gtctcaactat	1020
	gttgcggccaa	gactaggcct	gggaactgtt	ggggggccaa	ggggattgtct	cccgccccgc	1080
	aggcctcccg	agtaggcccgg	ga				1102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 306 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 5
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 10
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

20
 gaccaacctt ccctgccatt tatacggcat aaaaccctca atctcaccag tatggctacc 60
 aaaattatag gttcacctga aacaaagtgg attgatgcaa cttctggaat ttacaactca120
 gaaaaatctt caaatctatc tgtaacaact gatttctccg aaagccttca gagttctaatt180
 attgaatcca aagaaatcaa tggaaattcat gatgaaagca atgctttga atcaaaaagca240
 25 tcttgaatcc atttttttg aaaaacctt aaaaaggcga tcacaatttt tttgaacaag300
 ggtcat 306

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- 30
 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35
 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40
 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (iv) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 45
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

55
 tggagatatt agtcagtttc tttagtgata tttgtttcct ttagtgtgcct ttttgttttt 60
 ctgggggtt tttgaatcc ggatgctgtt gaagggcaat agcagactcc tccagctaag 120
 agacaggaca tgttcttgag ccactgtac tggtgaagct ggacaccaga cgctccctat 180
 aaccccccgg ccagggccata gcgtgtatgc atgtgcactt ccacccacag aggagggtgt 240
 gaaggcttga gaacctcaag aaagggtctgg attctgccc acctttgggt ctaccttggg 300
 actgtgtgtt gccaacgtgt caaccaggct gtgtccctg ccacccacgc acttgtgag 360
 gtgtggctga ggcagaatca tgtgaatggg tgcataccaa ggttcaggcc ccctgctgg 420
 agaagaaaata cttagcatc atgaaaggaa aagaacgtgc accccctttt tgtttcttta 480
 gtgaatgcaa gattaataa aagtgaataa tgagctccc ctttgggagt ggagcccagt 540
 gcagctcaact gacagggttg acatcagtat gatgtgttgg actgaaactg tatgtctgt 600
 gtaggtgtg tgcccttttag ggcagaccac ggtggccacc ccatttctcc aaggtgggtt 660
 accttagctg tgtatatttag acattgccac cctcacctct ggccaaaaat tcttgattta 720
 aaaagaaaag tctatttgt taacgacagg ctctgttga tggttacta tcccaagcct 780
 ggattatttt atttatttaa aagtattta atttccatat tggcttattt ctaatcccat 840

5 ccatccctgt ggag¹ gag agcatttca tggactgatga cgg¹ iaca taaatagatt 900
 catgctcatt taggaagctg gagatccgt gaagctgagg gtgagttcct gtgattctt 960
 ttcgcttcaa caaaaagtgg gagaccaagt tttttagca aaagacaaa ttagctgtat 1020
 agtcttgaat gcagaaaaaa attaccctag ctttcttagc acttaggggt ttgtgaggat 1080
 10 tcagtgttta gcacagtgc tggcacatag taagccctag taaatgttaa atattgttat 1140
 tagtgtttcg taaaacttga gaaatagagc tgagctcatt cccttcctgt tgattcaaa 1200
 ataataccta catgaaaaca tgattccaag ttgattgaat gttgttagaa ttactggtt 1260
 agagtagccc agttctcgcc ctaccctgt gttggggatc ttactgtatt cttgaatgc 1320
 ctggtttcaa aatatgccag acttcagccc ccaaggaaac aaggctgcaa gaatttatgal 1380
 15 actccagctg gaaaaggtaa aggtgaccc tggctagcca catactggac cttacccac 1440
 tgacgtctt cagaacatcc caagggttt cctcaaggaa catttttag ctggaaattal 1500
 aaatgggttc tctggcagac tgcacccctt gagtcaaaat taacagtatt ctttgaatgl 1560
 caataataga ggctttctg cgtaaggaa gaaggaaatga ccaattgaac ttacacattc 1620
 cccaggcagg tcccttgcc ggcccctaca ggctgggtg gcccctcctg tcctcaggga 1680
 20 tcagactccc agactggta gttctgcatt tttccatcaa attaaagggtt attccctggc 1740
 cgcctctgg agaaaaccaa cccccaccctg ccagctgggg gcaatggggc agggatttg 1800
 gcctctcaga acagctccta gaggctgctc atgactgaat gtttcccaa atcacctaa 1860
 taticggttt cttttgttt tgggggagag gatttagcct ttacttccc tgatggattc 1920
 aaagttttat ctatccctt atctcttgcc ctgtcttgcc acaactctgg atagattgc 1980
 ggtgtggaaat ttgctggagt ttggtggctc cccaaattcc ttgatctgtc cgcaaagaga 2040
 2042
 ag

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 320 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

55 aatctttta ccatgaaatt ttttccctt ttgacacaaa ttccatgcatt 60
 gtttcaacct tcgagactca gccaaatgtc atttctgtaa aatcttcctt gagtcttcc 120
 50 agcagtaatt tgccttctcc tagagttac ctggcatttt gtgcacattt gagttacagt 180
 agcatgttat tttacaattt tgactctctt gggagtcgg gggccatata aagtggtaaa 240
 tagtgttgc tgccttgaga gttgaatgac attttcttc tgggttggta ttactgtaga 300
 ttccgatcat tctttggta 320

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

5 gcgcggccgg cgccctgcggg jc gagagggt cggggcgaag gggaaagtac gtcccgagg 60
 tgccgtgtgg ggcaccggc gggccgcgg gaaccggcgc cccacggcgc tgctgtgtc 120
 agaccaaccc cgggccccca tcatactgc gccgcgcctt caggcgcggc gaactaccgt 180
 tcccggcatg scatgaaatt jcctcggcg ctgaggcggg gtccggccct ccacccgctc 240
 ccggcgcgg cgaatcgcg tggcgagcca tggaggagga ggcacatcgcc ccggggctgg 300
 gctgcagcaa gccgcacctg gagaagctga ccctggcat cacgcgcac ctagaatctt 360
 ccccaagggtg jactqaggtg accatcatag aaaagctcc tgctgaacgt catatgattt 420
 ctccctggaa acaaaaaqaat aactgtgtga tgccctqaaga tgtgaagaaac ttttacctga 480
 10 tgaccaatgg cttccacatg acatggaggta tgaagctgga tgacacatc attccactgg 540
 gaagcatggc aattaacagc atctcaaaaac tgactcagct cacccagttc tccatgtatt 600
 cacttcctaa tgccacccact ctggcagacc tggaggacga tacacatgaa gccagtgtg 660
 atcagccaga gaagcctcac tttgactctc gcagtgtgat atttgagctg gattcatgca 720
 15 atggcagtgg gaaagtttgc cttgtctaca aaagtggaa accagcatta gcagaagaca 780
 ctgagatctg gttccctggac agagcgttat actggcattt tctcacagac accttactg 840
 cctattaccc cctgcgtcatc acccacctgg gcctgccccca gtggcaatat gccttcacca 900
 gctatggcat tagcccacag gccaagcaat gtttcagcat gtataaacct atcacctaca 960
 acacaaaccc gtcacacagaa gagaccgact ctttgcgaa taagctagat cccagcaaag1020
 20 tgtttaagag caagaacaag atcgtaatcc caaaaaagaa agggcctgtg cagcctgcag1080
 gtggccagaa agggccctca ggaccctccg gtccctccac ttccctccact tctaaatcct1140
 cctctggctc tggggaaacc ccacccggga agttgaggca cccttccttc caatttgcct1200
 aaccagtttc caggagtggg gtgggtttt ccgtggcaca gttggggcc tttagggggg1260
 ttggacgttc catttt 1276

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 373 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 35 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

50 aaatacattt atgtttcttg aaatgtgtta agtggccttt gcaagggtt ttataataga 60
 agagtatata aaaatgaatt tctctagaga tgcagcatac tctaaagatc catcatttaga120
 taattaaaaa tatgttaatgc atgctaatac ttccatataat aaatggagaa cattaactct180
 cctactgttt agttataaaa taccaaattt tgtaattatc ctatctggaa ttacactata240
 ctgcaaaaat gccagttact tcactttaa atttgacaat gtatgtatg aattataaaa300
 55 tttaatagcc tacatstttt ctccttgta tccaaatttc tccggacctt aatgcttaaa360
 ccttttgtt acc 373

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 492 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
10 hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

gtctttgaa atctgttcc actacagcta tggtaagtc tatcagccgg tgctaccagg 60
agtcaactgcc agggtgtccg ttctcctgaa ccccagtggc cagaatcata agccctgacc120
ccatccctag aaagatgagg tcccagcaat ggccagagca tttctcacca gttctgtgag180
atagcacata aaaatagagt tctttggca aaaccttgg gaagcaatgc atccatcatg240
ggctgatatt cagcctgagc tttctcaag aggagagtgg tactggcagt ttatggctga300
30 aatccattct gattgggtgg agtctatgct ataccagtt taaaacattt tgagtatcac360
tcttgatac tgttactatt atatttcctc tatatataga cagaaaggcc atttttaggaa420
tattnaaagg gctcttgaaa attttctggc attagaccca actgaaggtt ctattaaggc480
agggttccta aa 492

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1678 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
45 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HE: JNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

gcctcagca actccctggg cgtagcagg gagatggcgc aacggccca gcctgcacag 60
gaaccqagca ggcctgatc tgccaaccat agacacgggat tatgattccc agccccagga 120
tgcctggc atcaggcagc tgaaaggcc cctgcggc acctccgtgt gttacccca 180
10 ggacctcccc agacctctca ggtccaggga gttccctcgat ttgaacctc agaggtatcc 240
agcatgtca cagatgtgc ctcccaatct ttecccacat gtcctatgaa actatcatta 300
ccattgtcct ggaagtcccg atcaccaggat gccatatggc catgactacc ctcgagcage 360
ctaccagcaa gtatccagc cggtctgccc tggcagccc ctgcctggag ccagtgtgag 420
15 aggctgcac cctgtcaga aggttatcc gaattatccc agccccctggg accaagaaga 480
gaggcccgca cagagagact gtcctttcc ggggcttcca aggccaccagg accagccaca 540
tcaccagcca cctaatacgat ctgggtctcc tgggagtgcc ttggagtgcc ctgcagagct 600
gagaccacag gttcccaagc ctccgtcccc agctgtgtg cctagacccc ctagcaaccc 660
tccagccaga ggaactctaa aaacaagcaa tttggcagaa gaattgcggaa aagtctttat 720
20 cacttattcg atggacacag ctatggaggt ggtgaaattc gtgaactttt tgggttaaa 780
tggttccaa actgcaatttgc acatatttgc ggtatagaatc cgaggcattt atatcattaa 840
atggatggag cgctacccat gggataagac cgtgtatgata atcgtagcaa tcagcccaa 900
atacaaacag qacgtgaaag ggcgtgatgc qacgtggac gaggatgagc atggcttaca 960
tactaagtac attcatcgaa tgatgcagat tgatgcata aaacaagaa gcatgaaat 1020
cagattcatc cctgtgtct tcccaaattgc taagaaggag catgtgccc cctggctca 1080
25 gaacactcat qtcatacgat gggccaaagaa taaaaaaaaac atccgtgtc ggctgctgag 1140
agaggaagat ttcgtggcctt ctcacgggg qccctctcccc acccttcagg tggttccctt 1200
gtgacaccgt tcatccccag atcaactgagg ccaggccatg tttggggcct tggctgtacal 1260
gcattctggc tgaggctgtt cggtagact cctggctgtt tttttctgt tcctcccccga 1320
30 gaagccctt ggcggccagg aaacctgttg tgcagagctc tcccccggag acctccacac 1380
accctggctt tgaagtggag tctgtgactq ctctgcattc ttcgttttta aaaaaaccat 1440
tgcagggtgcc agtgccttcat atgttccctc tgacagtttgc atgtgtccat tctgggcctc 1500
tcaagtgttca gcaagtagat aatgtaaaggat atgtggcagc aatgtggaaat gactacaaac 1560
actctccat caatcacttc aggctactt ttcgtgttgc ccagatgtttt gttatcctc 1620
45 agacccaaact gattcatgtt caaataataa aatgtttact cttttgtaaa aaaaaaaaaa 1678

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 866 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BERICHTS-NUMMER: SEQ ID NO:112

5	gtcggccatga ctgccaagga ctgctccatc atgattgcac tgtctccctg tctgcaggat 60 gccagctctg atcaaaggcc tgtggccct tcatacgaggt ccaggtttc ctttccgtgl20 tctgtgtctgg accttgaccc caagccctac gagagcattc cccatcaga taaactggac180 ggcaagatcg tcaactatta ttcaaaagact gtacgtgcca aagacaacgc cgtgtatgtcg240 actcgggttca aggaaagcga agattgcaca tttagttctcc acaaggtcta actctttccc300 tgtcagtgtct ttgaaacttg aacataatgt gaaggtgaa tgatagagat attttctgtt360 gtgttgtgggtg acctttgggtt gtgaatgttt ttgtcttttaa ccccttttga ggtgggattg420
10	cctcttggag acatggaatt gaagagcaact agaaaacaact ttctggacaa ggaatgttagg480 aagtgagtgc tgtgtccctg gaagctgctc acactcttaa aatggaaagtg tccgttaagc540 cctggaaaga cgttctggat agttcttctt tcccaaccag ggctcatgtc tgattctcta600 atgcgaaaag ctttattctt aagcccaagg ttgtgatctg ctaccaccag actcttaaca660 tagaaaaactt gaattgtcac atacattttt cagttggac ttttaagaaa acatggatac720
15	tactgggaac ttccccccagc tgagttacat gggcactttt tcagtgcac ccacatata780 acacaggggtt ttaaggtggg tgcctggctg cacacgtgaa cccctgtggcc ccccaagatgc840 cgattctqaq ccagtqtaqa cccagg 866

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1434 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

	gcgcggccgg	cgccctgcggg	gcgagagggt	cggggcgaag	ggaaagctac	gtccccggagg	60
45	tgcggtgtgg	ggcacccgggc	ggggccggcg	gaaccggcgc	cccacggagc	tgctgctgtc	120
	agaccaaccc	cgggccccca	tcatcactgc	gccgcgttt	caggcgcgca	gaactaccgt	180
	tcccggcatg	ccatgaaatt	ggcctcgcg	ctgaggcggg	gtccggccct	ccaccccgctc	240
	ccgcccgcgc	cgaatcgcgg	tcgcgagcca	tggaggagga	ggcatcgccc	ccggggctgg	300
50	gctgcagcaa	gccgcacctg	gagaagctga	ccctgggcat	cacgcgcatac	ctagaatctt	360
	ccccaggtgt	gactgaggtg	accatcatag	aaaagcctcc	tgctgaacgt	catatgatt	420
	cttcctggga	acaaagaat	aactgtgtga	tgctctgaaga	tgtgaagaac	tttacactga	480
	tgaccaatgg	cttccacatg	acatggagt	tgaagctgg	tgagcacatc	attccactgg	540
	gaagcatggc	aattaacagc	atctcaaaac	tgactcagct	caccaggct	tccatgtatt	600
55	cacttcctaa	tgcacccact	ctggcagacc	tggaggacga	tacacatgaa	gccagtgtat	660
	atcagccaga	gaagcctcac	tttgactctc	gcagtgttat	atttgagctg	gattcatgca	720
	atggcagtgg	gaaagtttgc	cttgtctaca	aaagtggaa	accagcatta	gcagaagaca	780
	ctqagatctq	qttcctggac	agagcgttat	actggcattt	tctcacagac	acctttaactg	840

	cctattaccg	cctgd	.cc	acccacacctgg	gcctgccccca	gtgg), ,at	gccttcaccca	900
	gctatggcat	tagccccacag	gccaagcaat	ggttcagcat	gtata	acct	atcacacctaca		960
	acacaaaacct	gctcacagaa	gagaccgact	ccttgtgaa	taagctagat	cccagcaaag			1020
5	tgtttaaagag	caagaacaag	atcgtaatcc	caaaaaagaa	agggcctgtg	cagcctgcag			1080
	gtggccagaa	agggccctca	ggaccctccq	gtccctccac	ttcctccact	tctaaatccct			1140
	cctctggctc	tggaaaacccc	acccggaagt	gagcacccct	ccctccaact	ccctaccagc			1200
	tccagagtgg	tggtttccat	gcacagatgg	cccttaggggt	gacctccagt	tttgcgtgtg			1260
	gaccgttaggc	ctctttctag	ttgaatgacc	aaaattgtaa	ggcttttagt	cccacccgacal			1320
10	ttagccaggc	tctgttagtgag	gcctccagag	caggttgc	tgtccctgc	ctctggaaagc			1380
	aatgggaaat	gtggaaatcaa	gacaatgccc	aaaaaaatttt	taatgcagct	ggtc			1434

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 914 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

	ttggcagcg	ggagaggaa	agaggagaa	atggggttg	aggaccatgg	cttaccttc	60
	ctgcctttg	cccatcacac	cccatttct	cctctttcc	tctccccgt	gccaaaaaaaa	120
	aaaaaaaaagg	aaacgttat	catgaatcaa	cagggttca	gtccttatca	aagagagatg	180
	tggaaagagc	taaagaaacc	accctttgtt	cccaactcca	ctttaccat	attttatgca	240
	acacaaaacac	tgtcctttg	ggtcccttcc	ttacagatgg	acctcttgag	aagaattatc	300
	gtattccacg	tttttagccc	tcaggttacc	aagataaata	tatgtatata	taaccctttat	360
	tattgctata	tcttgtgga	taatacattc	aggtgggtct	gggtgattta	ttataatctg	420
	aacctaggt	tatccttgg	tcttccacag	tcatgtttag	gtgggctccc	tggtaggtat	480
	aaaagccagg	tataatgtaa	cttcacccca	gccttgtac	taagctctt	atagtggata	540
	tactcttta	agtttagccc	caatataagg	taatggaaat	ttcctgcctt	ctggggtccc	600
	cattttact	attaagaaga	ccagtgataa	ttaataatg	ccaccaactc	tggcttagtt	660
	aagtgagagt	gtgaactgtg	tggcaagaga	gcctcacacc	tcacttaggt	cagagagccc	720
	aggccttatg	ttaaaatcat	gcacttgaaa	agcaaaccct	aatctgaaa	gacagcagca	780
	agcattatac	ggtcatctt	aatgatccct	ttgaaattt	ttttttggtt	ggtttgggtt	840
	aaaatcaagc	ctgaggctgg	gtggaaacag	gtagcctaca	ccccccaaat	tgggggtgg	900
	ccccggggaa	tgtt					914

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

- #### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 68()senpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- #### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

aaaaatccag gggtaagaa tagatctgtg gtggcagggg tggaaaaggc ggggaggatt 60
tgcctactga ggggcagcac aagagaattt tgccggggcga tggatctgtc tgtatcttga 120
ccatagtatgat gatacatgac tgtgcatttg tcagaactca caggactgaa tgaaaagaga 180
agtgaatttt actgcattgtg aattgttaaa ataaatgcta gacagtattt taaaaatcaa 240
ccccagatcc tgcaagacat tatggctccc caccagaagg ggagagacgg ggaaagagaa 300
gtgtccccaat agttAACCCCA cgttccctgg gaccCACCTC CCTCCCCACT GCCACTTCCC 360
accagcctca cgacggggcc aggcccttcc ctgtcagct cacagccccag cagatgttag 420
gtcagaatgc gtccccctcacttgactaaag gtttacagcc agcagggtgg gaaatgaacc 480
agatattaac acccccttcctccatggccctq cccaccttct gggccagtac cagtqaagc 540
aggaagccac ttctccacc cccaggtgt tcccaaagcc ctggaaagaac ccaagggaaag 600
gcaggagcca agttgggagtgacattgtat gaccaggggc cagttggccc agttccctt 660
qtttagttqq qqqqagggaa ccctt 685

25

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

1

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2646 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTECAS cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

5	ttaatttaat	agctttcatg	tgattaaaaaa	tagctaacta	gactcaagga	ttcacaataat
	ttagggttat	tttcaatacc	tccagaaaagg	aaacctcagt	taatcagagg	aatatgtttc
	agtcttcatt	tgagcatgtc	tttccatctc	aaaaaaatac	tcttagtagg	ttggagtgaa
	gatagcaagg	ttttaaagca	tatttgtct	aatccacagt	gacactttt	atcttccagg
10	agcactccta	ggaggttccg	tgccataatca	atgttgactg	cttgcagat	ctcaaggaa
	taaaatgaca	aaagcaggga	aagttacaga	ttcaaaccgc	attttaactc	atgttgatct
	ggataattaa	tctttctaa	agatgtgtag	tttcttggaa	aacagtgata	tcacatgatt
	aaaattacat	tttatcaac	ataattgtct	ggaaaagata	agccccctcaa	ttttctacca
	gttgacttt	attcattaga	tacagaaggt	gcagtttac	acatcaccag	ctgcctttgt
15	gaatggctca	ctacacagcc	attgggg tac	aactgtgtgc	atgggcagaa	acagcaagtg
	ccctcattgt	ggtcattggg	tggggagatgc	ctttgtcaa	ggagttctgca	ggaattggct
	tatttctgt	tgccaaagtg	atcaacacac	caaagtctct	gccataaaga	atgtggcttc
	cttgcattct	ccatcctgtt	actctggcc	cagtaatttq	atgttaactgt	ctgattgtac
	tagagacagg	agtataccca	gcttattcat	aatcaagtaa	agagacttcg	attagatttq
20	attttttagc	ctcctctaga	gccaatcagg	cagtaagag	taataaaagga	aaagggtttq
	gtcacaaaacc	ctaccattat	ctggagatta	cttcctgtc	cactcctgtc	ttgcccattgc
	cgtcttgc	cctcactttt	gctcagccca	gcagttact	tcactttatt	gccttgtaa
	tgtcaggcct	cctggcgct	ctggaaaaga	caggagcc	ggccctctca	ccccctactgg
	taacaggtca	ttgtctgggt	cacaayaggg	aggtgatttq	catcatgtc	atgtgtcatg
	ggcttcactg	ggatgtgtt	aaacaccaga	ggagccaaacc	tatcagaatc	ccagcagcaal
	aggaaaactc	agattttaga	ggcttttac	aataaaagtag	cgtaactcta	ggtcatgatt
	gatttcaat	gcctgcccatt	aatgatttq	aagtaattat	gtaggatcca	tcaaagcagt
25	attgttaggt	tttgaatttq	cccactgt	ccgggacccc	attttactgt	ctcttcttgc
	cgtgttaatg	atgcaatcag	agttcaagac	aggccccatg	aagtctgact	gcactgggat
	ggagaaaatga	atttcttccc	actgaaggaa	actctttctc	attcgcagcc	aagacgggag
	tgccactgtt	cctctttca	ctcctgagat	actgtttctg	gaagcgggtg	tcacttccctc
	tctagtagct	cttctttct	ctgaagtgt	tgactatctc	ctagtgttta	aatttggcag
	ttactcgcca	tgtatgtcag	catagaaaag	gaaatgtttt	taccttatact	cctgtatgt
	tgatagaact	taaaagaaaat	gtgcattttt	tttcatagcc	ccagcagaga	aaatccctt
30	catagattaa	atgtgtctgt	gtggacagga	gggaaaaaaa	aacccttac	atattgaaag
	gcacccaaatg	taatatctga	cactgttaag	atgccccaaa	gagcaagtt	gtagtggagal
	tgcagggtca	tttccccatg	ccatccacag	tgttgttag	tgagtccacg	gctgacttg
	agtgataaag	aaaagcatgg	agctgtgtct	gcagacaatg	gtggctgcat	ctgtaa
	cttcagaggc	agcagccctg	gggaaattga	tgggtgtggc	agtggactg	tgaagaggga
	gaatctagcc	ttcagcctgt	ccagtgat	ccactagaga	aactgagtt	tatatctt
35	ttaatgtcct	gtgaatttt	gcatattgaa	acattagagc	aaataactcag	gggattttc
	attaaacatc	cctcagataa	tttagctata	tatcatttga	aaggaaagc	tatcatttt
	atttttaaac	taaacaaggc	catcttataa	actgtcacca	aagtcttccc	ttttttattg
	catgtgtgcc	ttgaatttca	taaaacatta	attcacaatg	gggggtcagaa	tgtactcttg
	ttgaaacact	tcttgtacca	ttttatgttc	atattatgtt	tgagagggt	aaaatgtatg
40	agcagcttaa	ctgaagtaga	actattcatg	atgccttca	cacattgtgg	cataagatgt
	aaagtttgc	attaatgtt	atttctgtgc	attttatata	tcttttataa	ttattaatgt
	taatttctgt	gcattttat	attcttttat	aattatgagc	attttaataa	attcattttt
	acaaacaata	aaaaaaaaaa	aaaaaaagga	ggaaggaaa	aggaagaagg	agggggaaag
45	aggaag					2646
50						

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 2667 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

- 60 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte paralele cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

ttatcttgaa agtctgtgta tcaaaaatgaa gaattcagat ggttaggagg tctatagtcc 60
ttttaaagct gactcttgag tgcgtttga atatccatta aattggattt ggaaataacc 120
tgaggaaagt attatgaatt cgatctgcac agatgcctct tagctgatag gtggcaggcc 180
tgtggggtttg ggttcctccct cttttctctg gaacatcatga caattccaga ttaaagaaaa 240
atgtttttta ataaataaccc ttggcttttc ttctagtcac ctggaggtt gatattgtga 300
ttttctggag tatagtatat ccgtgtctct gtgtctttagg ttacttagat gcaataatac 360
ttctctttga catttgtact gaagtgattt gatattaaatg aaaacagttt atgtttgaat 420
ataggcatat ttataggttt ttcccgctcc cccccaaccc accctttta aaaaatctat 480
acaaaggccc ttgttttagtc tcatacatgca catcaaataca tggagtttagg tcttctctga 540
25 gctcaqqqga acacaagtgc acagaaqagq atgtcttqag ggtcaactacc aaagaattac 600
cctcattgtc cctcaactcag gccatgtgta catgcgtatgc tgctgaggtt gctgggggtgg 660
gtggtgccca cgtggctccc ccagagcaat tcctaactgg caagctggga gaccattac 720
tggtaaactt tggqaaattt agaactgtat cttttacata atctggcat attacatttc 780
ataataaaaa catacattta gttgcattgtt acatcaatc tgattttata attaatttct 840
30 taagcttcaa ccatgttttta taccttattt cgttacatca tataatttta atgtgtata 900
tqaaatcttt tgctttaatg tcttttttta aatgttagaa tggctaaac ttgaaaggca 960
attgaatgtt gtatgtatgaa aatgtgaatg ttttgcgtct ttcatgacca aagatacagg 1020
gctagtggac atttagaata ataattaaag cttagtctt gtatgtctt tctttaagg 1080
agttctaacc ttgttaaattt agaatgactt cagagaattt tgattaagaa aacataaaaa 1140
35 tcttaaccgg cacaacact ccaattttt tcactgtgaa gcccgaagca atttttttc 1200
tttttcttca aaaaggctgc cttctgaaatt tatttcttgc ttactcattt cagaggggtt 1260
agtaaagaag atctatttct ggtagtcata tcgcttggaa ggtattggta aatgtgtttt 1320
cagtcgtgac catgtggaa gtaacagtg ttggcaaaaca ttaccgagaa aatcatgctt 1380
ttcaagatgc ctttgctttg ggatatcctt cctaggagaa aaaaaaaaaa gtagtttaac 1440
aattgtgaat tccatttctt atttcagtt ctgctgcagt aatgggttcc caccactat 1500
aattccccgc atttatgttc tgggttattt tcccccttgc ccagtaacat ttttatcta 1560
taccccatc cccaaatttt gagacagatt gaccccttac tcattatgtt gctctagtt 1620
aattttaaaa tggtaatat tgggttgc ggcagtagga gctgcaaaatc tggtagagtt 1680
ggagtgtgga gttaatgtgtt agtatgtttaa taaaggaaa ctgtctctga cagaatctca 1740
45 gtaatgttta cccaaacatg tctttctaca gctggtagga taaatgtatgc taccctgt 1800
ctcagctaca ggctgcagtg caaacttttcc ttccatccag agaaagcaga attccctcct 1860
agtaaacctca ttacaaatac tggtaatgaa aggcatgtt ctgtctgtca ccttcagtaa 1920
tatttgtgcc atcttctgtat gactgtatgac ctggatcgag tatttctatg aagggtctt 1980
ttaggcccct tacatacgca agagggggtgc tctagtgcca tagctgtatg tcacagga 2040
gacaccagga gaaggatatac ctagggttac tgagcagtc atcatccctg tttctgcaca 2100
gtttcctgaa actggccatc agggcctctg aggcaactcaa atcagtttac ttttagcatg 2160
cccccatcag ggtgggtctc actgttagtgg aggatacggt tctgggttga ttttttcta 2220
ggcaaaaatgc ttaagtgttc tggttatgccc attcattcat aatgtgttgc aaatttgctt 2280
aaaaggaaat tttcatgatt tgatttagat tagtattttaa atatctgtt tagatagcaa 2340
55 ttaattttat tgtaaaaaata aggaaaaata tggtaatgtt tgaattttt aaggctgaga 2400
gatgatagaa tggccccata tttttcttgc aaagaaaata atattttaaac ttacacatcc 2460
tggtagaaaaat accacccccc ccccttgcata tacatgttacaa tggtagtattt actatactgt 2520
caagctgaaa gtataaaaaa tggatcatata cattttgatg tttttatcct tttttaaaaa 2580
aaaggtgcgg ggctgtggca ctgggtctggaa catgactaaa gttgacagag gctatgt 2640
atttataatc actagttctg ggacttg 2667

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 544 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

catctgtgca tggatgagtg gcccacttgc gagccccaggc tgttacttcc tggctctggtg 60
 gtgaatccctc catagtctga gagtaagatc cttgatactg gctcagcatg gaacatctgg 120
 cacacagtat gcactgagga aatacttgtt ggaataatca gtgaatcata gatgaaaact 180
 taaccttgaa attaattatg agactgctca gaggaagaga atgggagaca aaggacctgg 240
 tgatttagacc cccaagacac tgggctgtct gctttgtct cgggtggaaac aggcccacg 300
 agagtcttta gggccagaac tcaaggaatt tattgagcca tggcaaacag gcagtaaaca 360
 gcccattctg gctgtgtat tgagaagaga atgtggtgaa cagatataga agcatggaaa 420
 cctgataggg ctattgcaat cactcagaaa agaggcgatg gcagcttgaa cctgttgaa 480
 35 cagtagagtg ctttccaggg aggagaaaagg acctgaaggt taatttgatc accatgggcc 540
 atga

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

10	gtttgatact ttccctgcact taggtttgtc ctatttca tttattcaga ctaggataga 60 aaattttgga atcagaaaaat agatccagt tttagctaca tacaatctag tacaagtgaa 120 tttttattct taaacatagg tgtgttggtc cttttttaa aagatgcgt ctacctgaaa 180 agggaaatttg atttttagaac tggatgttgt gcagtgaagt attttaggcc caggtctgtg 240 tacacattt atagaagaaa tgaagtactc tgaagtattt tggtgcctt ttcatattcaa 300 ctgtgtttt aatttgcag atcacacata tattgtgtt tggtgcgtg tggtatcttt 360 15 tataaaaccc tttgttgc tgcaaaagtt cctaaaagga aacacaagta atgccttatcc 420 attactagca tgctatgtc catgtttac tgccattgtc gtatgctta ctgtctttgt 480 aaaaatcccc ctctccccc ttctggtaac tggaaaagca tgctaaaaat agtcttatat 540 tttcacccca taagtgcaga atcagtaatt ccttggctt aagctcttat ataatcaata 600 ttattgtgg taaataccaa gtttggtac tcatacgat ctttttttaa agaaattaag 660 20 ttcttgaaaaa tttagccaaa tcccgttta tgggaatgtc cttttagaatt cattttgttc 720 agcccccttg ttctatggtt gagaaatctg aggcccttacg aaggtaaga gaactttccc 780 cgtgtctcac aggttaggtg aggtagat ggaacttagat atctggctg ttgactctag 840 ctcagtgtct tctgttaact gttggaaattt gtcttagttt gagagatggc tgaataatg 900 aacataaaaat gctatttata ataacaagta tatgtgaaat ttcttattgt aagactacta 960 cccgcttact gttgaataatg ttgggtatag tggtaggtc agaaatgcct cccacattgg 1020 25 taataaaacat tacaaaatac aatgttattt taggtggca ttttataaaa tgcattatgc 1080 catgggttgc tttgagatag attgtatgtc gggtagcatc tttaaaatgt atgtgggtt 1140 aactgttgtt catatcagga gatgctctga ttgtataggt gagactctgt ttctgttatt 1200 tttaattgtc gtatgaaatg tgatcagatt atttactac caacagttat agttgaaag 1260 30 tccaaactgtt ttaattgtact gataatatga taatatacg attaaattgt ttgtcttcat 1320 tcctttaaaaaa aaaaaaaaaa 1340
----	--

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2376 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

ggatatgaat aaattgttaa tataaaagtcc tacagaaaatt aatttatgaa atttcctcaa 60
 atcacacaaa acttaaatac agatgactac taccctgaga ctgaaaata tgttctaatt 120
 5 tatagtgcta ttttggca gtttggtgt cagaatacct atcaacacat tctttttta 180
 ttagaaaaa aaggatgtct acataacaat ttgtaaagtg ataaaatcca ttagtttta 240
 agtcttctga tagcattggc tattataaga aacaagtatt tgctctcggt ttaacggga 300
 taataatgct atgtctacat aaaatgattt ctaccaccc aataagctc ctgtagaaat 360
 tcatgtataa atggaaccat atagtacata catatcatac tcttaggtct ggcaaataatt 420
 tgaggttcat ccatattta tattcactca tcagtagttg taaacacatt cttaaagttag 480
 10 catttcaga tatgaataag cagggatgaa ataagtatta gggtaaggaa aatgggttag 540
 gcttcctaa gtgaagtgt aaaaaccacag ctttctttt aatgggatgt ctaatatgca 600
 tttatctgtt caagcatttt aagatttcca tgaaaatgtc ctgaaaatac aagattctc 660
 attgagggtg aggatctccc aatgggagac tgctctgaaa agagcatgtg ctttttaat 720
 tagataaccc actataatca tggatgttct tgaataactt acaaacatac cagcatccca 780
 15 aagtccaccaa gataaaccct cctactccaa catcacatga tcttctaatt ctacctgtaa 840
 aaataaagcat aacaattaat tagaatataa ttacgttata tacattactc cacctagaaa 900
 aaaaaatagt tcattatgtt gagaatgtc ttttttagta catagagaaa taaaaaatac 960
 agataactcac tagtgaacaa aaaatgtcca aagccagcca caacagatcc taatgaaccal020
 tacaatattt aatgcgggc qcagggagta ttttcaacat ctaaaaaatcc taggagcttal080
 20 agggactaga ataaaaaaa agaacctaga ttgagtaaga aagtatttca ttttgggtgl140
 ctttggcaaa aatgacaata caccattttt tttctgttag ttgagggtt aaactagagt1200
 atgtgccacg tgacaaccta aatcagctt cgttgtctt gtccacccctt ggtatgcagt1260
 ctgaatctttt aaatccqaaa accttacaaa ttggaccggaa aaacccttaa gcagtagggtl320
 aacttggagc tgtatcttaa tttgctaattc aactqacttg gaaataggat aattcattttl380
 atgagctctt taaatgagtt tatttggaa tatgcctatc attggaaatg aaagcagcat1440
 agcttgcctt agtaactcca ataatttggg aagcagaaaat gaaaaaagta atttgagtca1500
 25 tggggctta tggtagtgccg tttaaaattt cccttagtaat tacctttcat attttatttaal560
 ctaqgtaac atcaactgtq ;ttgtaaqag taaatgtttt accttaagat aaacatgggc1620
 aataatattaa actctactt ;tttcttttgc ctgtqaagtg aggctgcaact tgattatattl680
 tggatttttgc ttctgttaatac atggaaacga cagctaagtg tggtaaaaaa cgcgggatc1740
 30 caaagagctg gatttttatc tcaatctgc cgctaacttt tggatccat aggctacttl1800
 tatttctatg gtctcaatct ataacatgaa tgggttgggt taaatgactg aagttccctc1860
 aagtgtctaa attcttttgc tacagtctt attggatattt tggatattttt attcctaatal1920
 tggtttactg ggatgtctgt cactctaggc cggcaagaca gacatttaaa agtaacagtc1980
 35 acactgctga actqgcattt ctgttaacac aaaagtttag aaaactcacc gtaactgtta2040
 cttgattttaa gtgtatataa aattttcagt aaggctgtt taaaaggaa ccactgtcca2100
 tttaaagggt tcatagttt cttcaatggg ttagtattgt tggggcagg acataaaact2160
 agaagggtt ctataggatg aggtgatacc tagaaggtaa tatattgtaa ggcaaaagag2220
 attagaagaa atggggggaa aggatagtaa aaggcaagtc agattaaagg gttgaaacat2280
 40 gaagatatcc ccatttgtt ccggccccat gtttgcctt tttggctcca gcatcgtgtt2340
 tggaaagaggc caatgtgccc tgggtcccta ataaag 2376

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 225Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:121

10 cagttgtgaa gttttgtaaa atggtcaccc aactaaaaac taggaaatta cgaagaagag 60
 aaaattgccg ggtatctgtt aaggctgcg ttagatctg ctgtaggct tgtcaccatt120
 ggaagcaagg tcctacttca gtggcagatc ttgtggcctt ttagtggctg aagaccacca180
 ccctgcacag ggctgggccc atgcacagac atcctccct acctt 225

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1967 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

40 acggggcgccg cccgcgctcg caggccactc tctgtgtcg cccgtcccgcc gcgcctcc 60
 gaccgcgtcc gtcgcgtcc gctcgccccg ggcgcgccccg tcaacatgtat ccgcgtcgcc 120
 ctggcctgcg agcgcgtccg ctggatctcg cccctgcgtcc tactcagcgc catcgccctc 180
 gacatcatcg cgctggcccg ccgcggctgg ttgcagtcta gcgcaccacgg ccagacgtcc 240
 tcgctgtgtt ggaatgttc ccaagaggcc ggcggcagcg ggtcctacgaa ggagggctgt 300
 cagagcctca tggagtaacgc gtgggttata gcaaggcgctg ccatgcctt ctgtggcttc 360
 45 atcatcctgg tgatctgttt catcctctcc ttcttcgccc tctgtggacc ccagatgctt 420
 gtcttcctga gagtgattgg aggtctccctt gccttggctg ctgtgttcca gatcatctcc 480
 ctggtaattt accccgtgaa gtacaccccg accttcaccc ttcatgccaa ccgtgctgtc 540
 acttacatct ataactggc ctacggctt gggggggcag ccacgattat cctgatcgcc 600
 ttgtgccttct tcttctgtcg cctcccaac tacgaagatg accttctggg caatgc当地 660
 50 cccaggtact tctacacatc tgcctaactt gggaaatgaaat gtggggagaaa atcgctgtc 720
 ctgagatgga ctccagaaga agaaactgtt tctccaggcg actttgaacc cattttttgg 780
 cagtgttcat attattaaac tagtcaaaaa tgctaaaata atttggaga aaatattttt 840
 taagtagtgt tatagtttca tgtttatctt ttattatgtt ttgtgaagtt gtgtcttttc 900
 actaattacc tataactatgc caatattcc ttatatctat ccataacatt tataactacat 960
 ttgtaaagaga atatgcacgt gaaaacttaac actttataag gtaaaaaatga ggtttccaag 1020
 55 atttaataat ctgtatcaagt tcttgttatt tccaaataga atggactcggt ctgtttaagg 1080

5 gctaaggaga agag, rat aaggttaaaa gttgttaatg acca, ratt ctaaaagaaal140
 tgcaaaaaaa aagt, att tcaagccttc gaactattta agga, bcaa aatcatttcc1200
 taaatgcata tcatttgtga gaatttctca ttaatatcct gaatcatca ttttagcta1260
 ggcttcatgt tgactcgata tgtcatctag gaaagtacta tttcatgtc caaacctgtt1320
 gccatagttg gtaaggctt ccttaaqtg tgaatatattt agatgaaatt ttctctttt1380
 aagttcttta tagggttagg gtgtggaaa atgctatattt aataaatctg taggttttg1440
 tgtttatatg ttcagaacca gagtagactg gattgaaaga tggactgggt ctaatttac1500
 atgactgata gatctggta agttgtgtag taaagcatta ggagggtcat tctgtcacal560
 aaagtgccac taaaacagcc tcaggagaat aaatgacttg ctttctaaa tctcagggtt1620
 10 atctgggctc tatcatatag acaggctt gatagtttgc aactgtaagc agaaacctac1680
 atatagttaa aatcctggc tttcttggta aacagattt aaatgtctga tataaaacat1740
 gccacaggag aattcgggga tttgagttc tctgaatagc atatatatga tgcatcgat1800
 aggtcattat gatttttac catttcact tacataatga aaaccaattc attttaatal1860
 ttagatttattt attttgtaag ttgtggaaa agctaattgt agtttcatt atgaagttt1920
 15 cccaataaaac caggtattct aaacttgaaa aaaaaaaaaag tcgacgc 1967

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

45 cctagctgtc cccctgagat gaagaaagag ctccctgttg acagctgcct gccccgctca 60
 ctcgagcttc accctcagaa gatggatccc aagagacagc acattcagct cctgagcagc120
 ctgactgagt gcctgacggt ggacccccctc agtgcacagc tctggaggca gctgtaccct180
 aagcacctgt cacagtccag cttctgtctg gagcacttgc tcagctcctg ggagcagatt240
 cccaaagaagg tacagaagtc tttgcaagaa accattcagt ccctcaagct taccacccag300
 gagctgtga ggaagggtag cagtaacaac caggatgtcg tcacctgtga catggcctgc360
 aagggcctgt tgcagcaggt tcagggtcct cggctccct ggacgcggct cctcctgtt420
 50 ctgctggctc tcgctgttagg cttcctgtgc catgacctcc ggtcacacag ctccctccag480
 gcctccctta ctggccgggt gttcgtatca tctgcttct tacctgttag ccaacaagcg540
 tttccaagt ttactcctac agtctgcaag gttacagggtt ggttggggga gaaatgccgt600
 tttgggttc ca 612

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1183 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

	tttcggcaca	gcatgaatgg	ctgcgagaag	gacagctcg	ccacagattc	tgcataacgaa	60
	aaaccagccc	ttatccctcg	tgaaaaaaag	atctcgatac	ttgaggaacc	ttcaaaggca	120
	cttcgtgggg	tcacaggccc	aatatttag	aaatcaagtga	aggatttgc	acgctgcacc	180
	gtttctctaa	ctagatatcg	cgtcatgatt	aaggaagaag	tggatagttc	cgtgaagaag	240
25	atcaaagctg	cctttgctga	attacacaac	tgcacatttg	acaaagaagt	ttcattaaatg	300
	gcagaaatgg	ataaaatgtaa	agaagaagcc	atggaaatcc	tgactgctcg	tcagaagaaa	360
	gcagaagaac	taaagagact	cactgacctt	gccagtcaga	tggcagagat	gcagctggcc	420
	gaactcaggg	cagaattaa	qcactttgtc	agcgagcgt	aatatgacga	ggagctcg	480
30	aaagctgccc	ggtttctcg	tgacatcgaa	cagctgaagg	cccaaattcat	gctctcg	540
	gaaattacac	atccaaagaa	caactattcc	tcaagaactc	cctgcagctc	cctgctgcct	600
	ctgctgaatg	cgcacgcagc	aacctctgg	aaacagagta	actttcccg	aaaatcatcc	660
	actcacaata	agccctctga	aggcaaagcg	gcaaaaaaaa	aaatggtag	cagtctcccc	720
	agcaccgccc	acccctctca	ccagaccatg	ccggccaaca	agcagaatgg	atcttctaac	780
35	caaagacgga	gatttaatcc	acagtatcat	aacaacaggc	taaatggcc	tgccaaagt	840
	cagggcagtg	ggaatgaagc	cgagccactg	ggaaaggc	acagccgcca	cgaacacaga	900
	agacagccgc	acaacggctt	ccggccaaa	aacaaggcg	gtgccaaaaa	tcaagaggct	960
	tccttgggg	tgaagacccc	cgaggcccc	gcccattctg	aaaagccccc	gcgaaggcag	1020
	gcacgctgca	ggcacacctcg	ggaggggccag	gggccttcc	ggggtagtt	ttcggttagg	1080
	gttttcaca	gttgcatttt	tttgc	ccgaggatta	ggaagt	ccacagatgg	1140
	caggcatttt	tttgagttc	cccggtttt	gacgtttgg	ttg		1183

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 891 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

10	cggaggcgac	ggaaagccga	gccaggcgcc	tgcgcgctgg	gaagagtagg	ttcagagtgc	60
	attccggAAC	ccggggcgCg	gcgcactgcg	caggcgccg	gactccgctc	agtttccgggt	120
	gcggcgaaaca	ccaaagtccg	ggaacttaag	cattttcggt	ttctagggtt	gttacgaagc	180
	tgcaggagcg	agatggaggt	ggacgcaccg	ggtgtttagt	gtcgagatgg	tctccgggag	240
	cggcgaggct	ttagcgaggg	agggagcag	aacttcgtatg	tgaggcctca	gtctgggca	300
15	aatgggcttc	ccaaacactc	ctactgttg	gacctctggc	ttttcatcct	tttcgatgtg	360
	gtggtgttcc	tctttgtta	tttttgcca	tgacttgtt	gctgatatct	aaattaagaa	420
	gttggttctt	gagtgaattc	tgaaaatggc	tacaaacttc	ttgaataaag	aagacaggac	480
	tctcaataga	agaatttcac	atctccaaagg	gacccttcct	ttcattttac	actttgttac	540
	taatttgcag	aactctatta	attgggttagg	atttcacccca	ttcctagcta	agttcttaaa	600
20	attaaacccct	ttgttgcgtg	tttaaaaact	ttcaaacatc	tgtatggctt	acaggggctg	660
	aatataaaaag	catttgtact	taaaggctt	gtgtattcat	taagaaatat	agtaatgtct	720
	ttaatgttt	taagagttga	tcagggttt	.actatggatt	gcaagaata	gggatgatta	780
	ataaggggaa	ggtttttatg	gaatttcaaa	agtcaattta	tttcaaaagc	gggggaaagg	840
	gttttqaqqq	gaqqqqqqcc	caaqqtgttc	ctqqqqtttq	ccqagggagg	c	891

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 482 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

50

tctctaaata gtacctttc agtcttgccc cagaagttcc ctcaatttca gcagcacccg 60
gcggtttata attcattcag ttttccaggc caggcagccc gctatccttg gatggcctt120
ccacgcaata gcatcatgca cttgaaccac acagcaaacc ccacctaata tagtaatttc180
ttggacttga atctcccgcc acagcacaac acaggctctgg gagggatccc tgttagcaggg240
gaagaagagg tgaaggtttc gaccatgcca ctgtcaacct cttccattc attacaacaa300
ggacagcagc ctacaagtct ccacactact gtggcctgac aacagaactg agaggagagg360
attaqactct qqqqtqcttq catqqgcaac tqgatttttq catqattcct ttatgatttt420

gcttttaatg tatacac(gaagagccaa tataaacgtt cctcat, aaaaaaaaaa480
 aa 482

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

- (A) LÄNGE: 610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(v) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

35

ctcgagccgt gggcagtggc cgcgaaatgcg cggagacact gacttcagc gcctcggtc 60
 cagcgccatg gcgcctcca ggaagttctt cgttggggga aactggaaaga tgaacgggcgl20
 gaagcagagt ctgggggagc tcatcgac tctgaacgcg gccaagggtgc cggccgacac180
 cgaggtgggt tgtgtcccccttactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc240
 caagattgct gtggctgcgc agaactgcta caaatgtact aatggggctt ttactggga300
 gatcagccctt ggcatgtatca aagactgcgg agccacgtgg gtggccctgg ggcactcaga360
 gagaaggcat gtcttggtt agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct420
 ggcagaggga ctcggagtaa tcgcctgcat tggggagaag ctttagatgaa agggaaagctg480
 gcatcactga gaagttgtt ttgcagcaga cagagggtca tcgcagataa cgtgaaggac540
 tgtggcaagg tcgtccctggc ctatgagctt tttttggc cattttggc ctggcaaggc600
 cttcaaacag 610

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2072 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

10	gggtcatgt a ggtacaacag caaccaagaa gatcgatgtc tacctgcctt ctgcactcga 60
	gccaggacag actgctgcca atgaccgtgg tgacaatggc cagcgccagg gtgcaggacc 120
	tgatcgggt catctgtgg cagtatacaa gcgaaggacg ggagccgaag ctcaatgaca 180
	atgtcagtgc ctactgcctg catattgtgg aggtatgtgg ggaggtggac accgatttc 240
	ccccgctgga ttccaatgag cccattcata agtttgtt cagtaacttg gcccctgtt 300
15	aaaaagtact catctcctgg tctgacatcc aaagagtac tctttgttgc aataaatgt 360
	gctcatggat tctcccttat tcaggtggac aacacaaagg ttaccatgaa gaaaatcta 420
	ctgaaggcag tgaagcgaag aaaaggatcc cagaaagttt cagggccctca gtaccgcctg 480
	gagaagcaga gcgagccaa tgcgcgcgtt gacctggaca gcactttgg aagccagagc 540
	gcatgggagt tctgcctggt ccgcgagaac agttcaaggg cagacgggt ttttgaggag 600
20	gattcgcaaa ttgacatagc cacagtacag gatatgctt gcaagccacca ttacaagtca 660
	ttcaaagtca gcatgatcca cagactgcg ttcacaaccg acgtacagct aggtatctct 720
	ggagacaaag tagagataga ccctgttacg aatcagaaaag ccagcactaa gttttggatt 780
	aagcagaaac ccatctcaat cgattccgac ctgcctctgtg cctgtgaccc tgcgtgaagag 840
	aaaagccccca gtcacgcaat atttaaactc acgtatctaa gcaatcacga ctataaacac 900
25	ctctactttg aatcgacgc tgctaccgtc aatgaaaattt tgctcaaggt taactacatc 960
	ctggaatcgc gagctacgc tgcggggct gactacttg ctcaaaaaca aagaaaactg 1020
	acagacgta cgagcttcag cttccagaag gagaagaaat cggggcagca gtgacactgg 1080
	cctccagcct caatctgttc cgtacgttcg agcctgcctg ccagggccaa gtgccttaga 1140
	gcccacccgg tgcctgaag tcctcggggg gaggccagcc cctggctcac tggcacagg 1200
30	caggtgggt ctcggggaaag gtgtcggggg ccccttagga gggaaqcgctg gggacattgc 1260
	catgggacgg aagtctgtt ggcagtggct ttgataagcg atgcttgggg gtcagaccac 1320
	cccctagagg agccacgtgc cggccagcc cttcaatgc ctgcccaccc gcccggat 1380
	gtacagagcc gtgcccacac atttccttgc aacttgcata aatttctaa agcaaacaac 1440
	aaaaatgtac atttctgtt ttccctttaa taaacaggtg tactctttat catggttgtt 1500
35	atgatggacc attctttggg gcggaggatt gattatgtt ctctctttaa aatctgttcc 1560
	catattgaac aggcaagattt gaaaagctt ggtcgattt ctcagaagaa atgttttaggt 1620
	cttagtcaat agtttaact atgcccattt tttaaatgtg tgcatttgc tcgagggtag 1680
	tgtcttacta aaagtttagga acagagacct agtgggtgtt ccaaggccgt gtcactttcc 1740
	ctttcagcac accccagctt ctgacccatcg agcccaggag ctgcgtggac agtgtgggt 1800
40	gccaggagga gggcggtgg ctggccctca ggcacgctgc actcccagcc agacatggc 1860
	tttccgttcc ttaaqtgc agtgttagtt tcagctggca gttccacctg catgttctct 1920
	gcttcgtgc cttggaaagg gccacattcc ccattctct tctccttaca ggcctgcct 1980
	ccttttaag caggcgaaa gctgctttt ctacacgttcc agggagaggg gtgaccagg 2040
	gactgtgtcg tgcgtcggtc ctgggtggac ag 2072

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 50 (A) LÄNGE: 980 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

tttatggagt tagagcaggg gaaactaaaaa acaaaaagtgt atttaataac ttcatgagac 60
 tggataacc agtttatatt taaaatatat acagcacttt gggagactga gggttgaccc 120
 15 tgatagtcct ttgcacagtg atcttcagat cttaaaagaa aaagaaggca tagaatatat 180
 tttgcttaac ttctttta aggataacctt tccatttgat cctccatttg ttgcgtgg 240
 gttacctgtt ctctcaggag ggtatgtatt gggggagga gcattatgta tggaacttct 300
 cacaaaacag ggctggagca gtgcctactc aatagaatcg gtcatcatgc aaataaatgc 360
 caccttagtc aaaggcaaaag ccagagtgca gtttggagca aataagaatc aatataatct 420
 20 agcaagagcc caacaatcct ataattccat tgtacagata catgagaaaa atggctggta 480
 caccctcca aaggaaatgt gctaaatatg ttgactgttg tatgtttgga ctaatgttgc 540
 tttaaagaaa atcttccaa catgcagaca aaagcttga gtgccttat tacagcagta 600
 25 ccgaagatgt tagttatag atattttagt ggataatctg tcatactgaca tccagtataa 660
 gttacagcc tcgcattttg ctcatttttag atatcttga ctgagcagtg gggcctttac 720
 tgtattttc ctgataaaata cacatactgg ccactccta tctcttttc ttgaaaagtg 780
 aactttttaa aggcaagccaa gtcaacatca gggctactga agttggaggg ctttaggggt 840
 aactttccta tattgagccc atggggttac aagggtttgg caatatatttq ttcctttta 900
 cagccaatac aggttttaat cggatgttca aatattgggt ttagggatt ttaagggcc 960
 30 tcttaagtca taatagccct 980

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 792 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

ctgtttggca gggcq cg cctcgcaag atggtggcgc gcgc tg tggctcccgt 60
 cgtctggcca agtcttcjcg cacgcaaccg gccggcgtct cgta tg gagcccacac120
 ccaccgggtc cctgaaaaaa cccccccgc gccccgttcc cggcatgcct cgccccgtat180
 aggaaaacac gctccggaaag ggtggtcagc gccgtggagg aggtgccgg agcagtgc240
 5 aagctgactc gggttccagt gacgatgagg cagccagtga ggcccgcagc accggcagtg300
 aatgccccag ccttotcagc accactgcag aggacagcct tggggggat gtcgtggatg360
 agcaaggggcc agcaggaaga ctttggggaa aagctgaagg agtatgttga ctgtctcaca420
 gacaagagtg ccaagaccggc gcaaggtgcct cttgagagcc tgccgcctggc cctagcgtcc480
 10 cgccctactcc cccacttctt gctggagcgc cgcctcacgc tagccgatgc cctggaaaag540
 tgccctaaga aagggaaaggc gggggacaa gcccggctg ctgctgtgt aggcctgctc600
 tgcgtgcagc tggggccctgg acctaagggt gaggagctgt ttcacagcct gcaagcctctg660
 ctggtctctg tgctcagtga cagcacagct agccctgctg cccggctcca cgtgagttgc720
 ctgtgccccca tgaaaaccctt cctgcaactt atccctcagc agagtggtgg gttccccctat780
 tcttcagcct cc 792

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1092 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

45

gtgggtcccc ccgggtccgg cgcggttag gccttcggtg gtgaacgagt ctccagcacc 60
 atgtctggtt tgtctggccc accagccgg cgccggccctt ttccgttagc gttgtgtctt 120
 ttgttcctgc tcggccccag attggtcctt gccatctctt tccatctgcc cattaactct 180
 cgcaagtgcc tccgtgagga gattcacaag gacctgttag tgactggcgc gtacgagatc 240
 tccgaccagt ctgggggcgc tggcggctg cgcagcacct caagatcaca gattctgtg 300
 gccatattct ctactccaaa gaggatgcaa ccaaggggaa atttgcctt accactgaag 360
 attatgacat gtttgaagtg tttttgaga gcaagggaa acggcgata cctgaccaac 420
 tcgtgtatc agacatgaag catggatgg aggcggaaaa ttacgaagag attgcaaaag 480
 ttgagaagct caaaccatta gaggttagagc tgccgacgcctt agaagacctt tcagaatcta 540
 ttgttaatga ttttgcctac atgaagaaga gagaagagga gatgcgtat accaacgagt 600
 50 caacaaacac tcgggtccct tacttcagca tctttcaat gttctgtctc attggactag 660
 ctacctggca ggtttctac ctgcgacgct tcttcagggc cagaatttg attgagtaat 720
 gaatgaggca tatttcctc ccaccttgc cctcagccag cagaacatcg ctgggacgtg 780
 cctggcctaa ggcattctac caacagcacc atcaaggcac gttggagctt tcttgcaga 840
 actgatctt tttgggtgtgg gaggacatgg ggtaccaccc acacccaaaca agtcaatgag 900
 55 ggacttctt ttaatttggt aggatttga ctgttttgc aacaataggt ctattattag 960
 agtcacccat gacaaaaat agggggttac ctgatataatg ccaaagtcaag catttgtcc 1020
 gggccccctt gtgggagctg tgggacgatg ttttcttcc tggccctttt ccggagcgtg 1080
 gggggccaaa ta 1092

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1523 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

25 ctcatgtcta aagaaattcc tttttgtgtg aaaaagacta agagcatctt caacagtgcc 60
 atgcaagaga tggagggtta cgtggagaac atcccgagaa gtttggggtt tttaattact 120
 ctccatttag gacaccctac acacccaaca gccagtatca aatgtctgctc gatcccacca 180
 acccccagcgc cggcactgcc aagataqaca agcaggagaa ggtcaagtc aactttgaca 240
 tgacggcatc ccccaagatc ctgatgagca agcctgtgtct gagtgggggc acaggccgccc 300
 ggatttcctt gtcggatatacg ccgcgcctcc ccatgagcac aaactcttct gtgcacacgg 360
 gctccgacgt ggagcaggat gctgagaaga agggccacgtc gagccacttc agtgcgagcg 420
 aggagtcat ggacttccag ggataagagc acagtttcac cagccatcca ccaagacggg 480
 acaagcaggg agtttatccg gcagccaaaa gccttctct cctcaactgt cagtccttat 540
 cacgacgaaa acggacaaaa cctccaccac cgccagcatc ctgaatcttta acctggatcg 600
 aagcaaagct gagatggatt tgaaggagct gagcgagtcg gtccagcaac agtccacccc 660
 tgttcctctc atctctccca agcgccagat tcgttagcagg ttccagctga atcttgacaa 720
 gaccatagag agttgcaaag cacaattagg cataaatgaa atctcgaaag atgtctatac 780
 ggccgttagag cacagcgatt cgaggaggatc tgagaagtca gatagtagcg atagttagta 840
 tatcagtgtat gatgagcaga agtctaaagaa cgagccagaa gacacagagg acaaagaagg 900
 ttgtcagatg gacaaagagc catctgtgt taaaaaaaaa cccaaagccta caaacccagt 960
 ggagattaaa gaggagctga aaagcacgtc accagccagc gagaaggcag accctggagc 1020
 agtcaaggac aaggccagcc ctgagcctga gaaggacttt tccgaaaagg caaaaccttc 1080
 acctcacccc ataaaggata aactgaaggg aaaagatgag acggattccc caacagtcc 1140
 tttgggcctg gactctgatt cagagagcga acttgtata gatttaggag aagaccattc 1200
 tgggcgggag ggtcgaaaaa ataagaagga accaaagaa ccatctccca aacaggatgt 1260
 tgttaggtaaa actccaccat ccacgacggt gggcagccat tctccccgg aaacaccgg 1320
 gctcacccgc tcttccgccc aaacttccgc ggctggcgcc acagccacca ccagcacgtc 1380
 ctccacggtc accgtcacgg cccccggcccc cgccgcccaca ggaagcccag tgaaaaagca 1440
 gaggccgctt ttacccgaagg aggactgccc cggccgtgca qcgggtccgt gtggaactca 1500
 tcaagtaaag ttccaaacgt cct 1523

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2241 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

	cgcgcggccaa	gcccacaag	ccgagctggg	aaaaggagg	cagaggaggc	ggaggcagag	60
	gcaggaggcag	agccccgtgc	cgagaccaaag	cgacagaccg	gcggggctgg	gcctcgcaaa	120
	gccggctcg	cgagctctcc	cgacacccga	gccggggagg	aaaagcagcg	actcctcgct	180
	cgcatccccg	ggagccgcac	tccagactgg	cccgttagtc	aggggctcag	gagcagatcc	240
	cgaggcaggc	tttgcgtcagc	ctccgacgag	ggctggccct	ttggaaaggcg	ccttcaacag	300
25	ccgggaccaga	caggccacca	tgaccgagaa	ttccacgtcc	gccccctgcgg	ccaagcccaa	360
	gcgggccaag	gcctccaaga	agtccacaga	ccaccccaag	tattcagaca	tgatcgtggc	420
	tgccatccag	gccgagaaga	accgcgtgg	ctccctgcgc	cagtccattc	agaagtatat	480
	caagagccac	tacaagggtgg	gtgagaacgc	tgactcgcag	atcaagtttgc	ccatcaagcg	540
	cctggtcacc	accgggtgtcc	tcaaggcagac	caaagggggtg	ggggcctcgg	ggtccttcgg	600
30	gctagccaag	agcqacgaac	ccaagaagtgc	agtggccttc	aagaagacca	agaaggaaat	660
	caagaaggta	gccacgccaa	agaaggcatc	caagcccaag	aaggctgcct	ccaaagcccc	720
	aaccaagaaa	cccaaagcca	ccccggctaa	gaaggccaaag	aagaagctgg	ctgcccacgccc	780
	caagaaagcc	aaaaaaaccca	agactgtcaa	agccaaagccg	gtcaaggcat	ccaagcccaa	840
35	aaaggccaaa	ccagtgaaac	ccaaagcaaa	gtccagtggc	aagagggccg	gcaagaagaa	900
	gtgacaatga	agtcttttct	tgcggacact	ccctctgtc	tcctattttc	tgtaaataat	960
	tttctctttt	tttctctctt	gatgctcacc	accacctttt	gcccccttct	gttctgactt1020	
	tataagagac	aggatttgg	ttcttcagaa	attacagaat	aatttcatttt	tccttaaccal080	
	gttgtgcaag	gacagcaaca	accaatctaa	tgtatgaaat	gtacttatat	tttgtttgc1140	
	tattaaccta	cttacggggt	tagggatttg	cgggggggct	tgtgtgttt	tttggcttgc1200	
	ttgccatgaa	ggttagatgt	ggtggggaga	agacacaagg	cagtttggtc	tggctagatgl260	
	agagggaaacc	caggaattgt	gaggttagca	ggaatatctt	tagggtgagt	gagttttccct1320	
	tgagttgggc	acccggtgt	agagtttcag	aacctttggc	cagcaggaga	gagggtgttagl380	
	ggagcagcca	gccggcaaaag	gaaggaggtg	gaaaaaaaaacc	gccaccgggc	tgacttccac1440	
45	ctcccagtgg	tgagcagtgg	gggccccaaac	ccagtttccct	tctcattttt	gttagtttgcl500	
	ccttcggcc	tccctatttt	tttagggaaag	gggagtgggg	tccaagtgcac	agctggatgg1560	
	gagaagccat	agtttctccc	agtcaagctag	gatgtagccaa	ttgggggatc	tttggggctt1620	
	cagcaaattc	tcttgtttaaa	ccggagtgaa	aacttcaggg	gaagggtgg	gagtcaagccal680	
	agtgcctca	tgtgccctgt	tgaaacttag	gttttccac	gcaatcgatg	gatgtgtcc1740	
	taggaagact	tttcttttcc	tctggatttt	tttgccttct	gtacaagagg	tgtctttgct1800	
50	tggtttgggt	gggctgcggc	cactaaaaac	ctcccgatct	cttttggat	cctttattat1860	
	aagttagttgt	agctgcggg	ggggggagggg	gagttggcgg	gcagtggata	gtaagactt1920	
	ctgcagtca	tttgggattt	gctaagtagt	tttacagagc	atgtctgt	tgcatgtgtg1980	
	tgttgtgt	tatatacata	tctagggcta	gtacttagtt	tcacacccgg	gagctgggag2040	
55	aaaaaaacctg	tacagttgtc	tttcttttat	ttttaataaa	atagaaaaat	cgcgcacttg2100	
	cgcgtcccc	ccccacccccc	tttttaaac	aagtgttaact	tgtgccggga	aaattttgct2160	
	gtctttgtaa	ttttaaaact	ttaaaataaa	ttggaaaagg	gagaaaactga	aaaaaaaaa2220	
	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	a			2241	

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 631 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

25 tgacaatggc ttcttaaaa tactcagagg acaggatcac ggtgaaatcg aatcagaagt 60
 gttggctgca attccacgca ccgatcagta ctggaaaag atctaattcg ccgtgggcct120
 gtcgtgccag tcctggggc gagatgggg tagaaatgca tgtatgcgt taagttcacg180
 taagatacaa gttttagaca gggtcgaaag qactggattq gccaaacatc agacctgtct240
 tccaaggaga ccaagtctg gctacatccc agcctgttgt tacagtgcag acaggccatg300
 30 tgagccaccg ctgcccac agagcgtct tccccctccg tgatccatcc atcccccagg360
 .agcaagacag agacgcagga atggaaagcg gagttcttaa caggatgaaa gttccccat420
 cagttccccc agtacctcca agcaagtagc tttccacatt tgcacagaa atcagaggag480
 agatgggttt gggagccctt tggagaacgc cagtctccca ggccccctgc atctatcgag540
 35 tttgcaatgt caaacctctc tgatcttgta ctagatgatt cttaatagga gtttatttt600
 cggcagctg cgaatcaggg gggtaaccag g 631

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 980 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

10 gggccggga gggtaacttag ggccggggct ggcccaggct acggcggctg cagggtccg 60
 gcaaccgctc cggcaacgccc aaccgcctcg ctgcgcgcag gctgggctgc aggctctcg 120
 15 ctgcagcgct gggtgatct aggcattggc ttccaacatg tggcagctt gggctccct 180
 ctgctgcctg ctgggtttgg ccaatgcccc gagcaggccc tcttcacatc ccctgtcg 240
 tgagctggtc aactatgtca acaaacggaa taccacgtgg caggccggc acaacttcta 300
 20 caacgtggac atgagctact tgaagaggct atgtggtacc ttcttgggtg gccccaaagcc 360
 accccagaga gttatgttta cccaggaccc gaagctgcct gcaagcttcg atgcacgg 420
 25 acaatggcca cagtgtccca ccatcaaaga gatcagagac cagggtcttctt gttggctctg 480
 ctgggccttc ggggctgtgg aagccatctc tgaccggatc tgcatccaca ccaatgcgc 540
 cgtcagcggt gagggtgtgg cggaggaccc gtcacacttc tggacaagaa aaggctgg 600
 cgctgtataat ggtggctatc ctgctgaagc ttggaaacttc tggacaagaa aaggctgg 660
 ttcttgggtgc ctctatgaat cccatgttagg gtgcagaccg tactccatcc ctccctgtga 720
 30 gcaccacgtc aacggctccc ggcggccatg cacgggggag ggagataccc ccaagtgt 780
 caagatctgt gggctgggt acagcccac ctacaaaacag gacaaggact acggatacaa 840
 ttctacagcg tctccaaatag cgagaaggac atcatggccg agatctacaa aaacggcccc 900
 gtggagggag gttctctgtg tattcggact tctgcctaga gtcagggggt acaaaagtcc 960
 35 cggaatttg gggggccggcc 980

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 2238 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

55 cacatgttcg gggaccgagt ggggtcaatc ttcttgggtct gcctctccag gtctttcca 60
 ggcgggtcat agacgtactc cctctgaggg cgaccgatgg ttagaaggagg tgcttaagag 120
 cgtccgggct cagcagcccc aggcctcagc tgctctctg cagccagttc tccagcctcc 180
 tccacccact gccatctccc agccagcatc accttccaa gggaaatgcat tcctcacctc 240
 tcaagcctgtg ccagtgggtg tggtcccagc cctgcacca gcctttgtcc ctgcccagtc 300
 ctatcctgtg gccaatggaa tgcctatcc agccctaat gtgcctgtgg tggcatcac 360

	tccctccccag atggtgg	'acgtatttgg cactgcaggc caccctc	, ctgccccatcc 420
	ccatcagtca cccagcctgg	tcaaggcagca gacattccct	cactacgagg caagcagtgc 480
	taccaccagt cccttctta	agccctcctgc tcagcacctc	aacggttctg caagtttcaa 540
	tggtgttagat gatggcaggt	tggcctcagc agacaggcat	acagaggttc ctacaggc 600
5	ctgcccagtg gatcctttg	aagcccagtg ggctgcatta	aaaaataagt ccaagcagcq 660
	tactaatccc tcccctacca	accctttctc cagtactta	cagaagacgt ttgaaattga 720
	acttttaagca atcattatgg	ctatgtatct tgtccatacc	agacagggag cagggggtag 780
	cggtcaaagg agcaaaaacag	actttgtctc ctgatttagta	ctctttcac taatcccaa 840
10	ggtcccaagg aacaagtcca	ggcccagagt actgtgaggg	gtgatttga aagacatggg 900
	aaaaaagcatt cctagagaaa	agctgccttgc caattaggct	aaagaagtca agaaaatgtt 960
	gctttctgta ctccctcttc	ccttacccccc ttacaaatct	ctggcaacag agaggcaaag 1020
	tatctgaaca agaatctata	ttccaagcac atttactgaa	atgtaaaaca caacaggaag 1080
15	caaagcaatc tccctttgtt	tttcaggcca ttcacctgcc	tcctgtcagt agtggcctgt 1140
	attagagatc aagaagagtg	gtttgtctc aggctggga	acagagaggc acgctatgtc 1200
	gccagaattc ccaggaggc	atatcagcaa ctgcccagca	gagctatatt ttgggggaga 1260
	agttgagctt ccatttttag	taacagaata aatattat	atatcaaaag cccaaaatctt 1320
	tatTTTATG catttagat	atTTTAAATA gttctcagat	attaagaagt tgtatgat 1380
	gtaaGtaatc ttGCCAAAGG	taaAGGGCT agttgtaaGA	aattgtacat aagattgatt 1440
20	tatcattgtat gcctactgaa	ataaaaagag qaaaggctgg	aagctgcaga caggatccct 1500
	agcttgTTTT ctgtcagtca	ttcattgtaa gtacacatt	tcatgcttat 1560
	gaccaatacaca gtcacttaggt	tgtagTTTT ttAAATAAAA	tattgtcctg 1620
	gttttaaacc tatgatggaa	ttctaattgtc attatTTAA	ttggaaatcat cgaaatatgc 1680
	tctatagaga atatatctt	tatataattgc tgcaGTTCC	ttatgttaat cctttaacac 1740
	taaggtaaaca tgacataatc	ataccataga agggAACACA	ttggTTTGT 1800
	atatgggtct tggTGGGTTT	tgttttatcc ttAAATTTT	ttcccctatga gttttgtggg 1860
	gatggggatt ctggTTTTat	tagTTTGTG tgTGTCTCT	tcccccaaac ccccttttgg 1920
	tgagaacatc cccttgacag	ttgcagcctc ttgacctcg	ataacaataa gagagctcat 1980
	ctcattttta ctttgaacg	ttggccTTAC aatcaaATGT	aagttaataa tatttgtact 2040
30	gatgaaaatt tataatctgc	tttaacaaaa ataaatgttc	atggtagaaa aatttgcaca 2100
	tgaaggcgt ttcttcccc	tttccTTTAT tagtaaatga	atttattttt cgttctttg 2160
	gtcttactct ccattctact	gctgctgtaa atccctagtt	tagtactag aaaaatacc 2220
	ttaagattca tattttca		2238

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 398 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

tgcagattgg ttggc jc ccggggaggc tggctccgac acac ga gtgtgcctac 60
actggtccca cagggtttca gctgtggagt ttggatctg agctt,agc ccatttgtt120
ctggcagttc cgctcatatt ttccacttga agacatcgcc tccgttcctt ccaagctggg180
agaccagaag tcaacaacag gagggtggag aggccgggtc tcacaatccg ttggctggg240
gagttccactg agtttcttgc atcctgaagc aaaccatgga gagctggtgg ggacttcct300
gttttgcgtt cctgtgttt ctaatgcacq cccgaggtca aagagacttt gattttggca360
gatgcccttg atgaccctga aacccaccaa gaagccaa 398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1084 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

	ggcgggtggcg	gaagtgggag	cgggcctgga	gtcttgcca	taaaaggctga	ggccggccgca	60
	cggcgagtt	ggcggcttgg	agagctcggg	agagttccct	ggaaccagaa	cttggacatt	120
35	ctcgcttcgt	tcctccgttt	agtctcctcc	tcggcgggag	cctcgcgacg	ccccggcccg	180
	gagcccccaag	cgcaggccccg	cgtttaaagg	atgacactata	ggaagaagt	tttgctgaag	240
	gttatcatcc	tgggagattc	tggagtcggg	aagacatcac	tcatgaacca	gtatgtgaat	300
40	aagaaattca	gcaatcagta	caaagccaca	ataggagctg	actttctgac	caaggaggtg	360
	atggtgatg	acaggctagt	cacaatgcag	atatggaca	cagcaggaca	ggaacggttc	420
	cagtctctcg	gtgtggcctt	ctacagaggt	gcagactgct	gcgttctgtt	atttgatgtg	480
	actgccccca	acacattcaa	aacccttagat	agctggagag	atgagttct	catccaggcc	540
	agtcccccgag	atccgtaaaa	cttcccattt	gttgtgttgg	gaaacaagat	tgacctcgaa	600
	aacagacaag	tggccacaaaa	gcgggcacag	gcctgggtct	acagcaaaaa	caacattccc	660
	tactttgaga	ccagtgc当地	ggaggccatc	aacgtggagc	aggcgttcca	gaccattgc当地	720
45	cggaatgcac	ttaagcagga	aacggaggtg	gagctgtaca	acgaatttcc	tgaacctatc	780
	aaactggaca	agaatgaccg	ggccaagggcc	tcggcagaaaa	gctgcagttg	ctgagggggc当地	840
	agttagaggtt	gagcacagag	tccttcacaa	accaagaaca	cacgttaggcc	ttcaacacaa	900
	ttccccctctc	ctcttccaaa	caaaacatac	attgatctct	cacatccagc	tgccaaaaga	960
	aaaccccatc	aaacacagtt	acacccacata	tattctctca	cacacacacata	cacacggcac1020	
50	acacacacac	acagttttgg	acgttattca	gattggcc	tttgccgtgt	tgggttcgtg1080	
	ggggg						1084

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1259 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- 10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

taaaatacag aagaagagtc cacacactgt ttcacgagaa ggagtgtatc atgatttcta 60
gtaatcgaaag aacatgttta tgggaacagg gtgactcagc tctctgggg aggatggatg 120
aggagtttagc aggaagagag ggtaccaagt gagggaaaag cagcagggtg ggtctgggc 180
atggacagga agcagaggct gggaaaagct acatcttta ttcacatgtttt ttcacacaggag 240
ctgaaagtggg aatcaatcaca tcgaaatcc acggccqggg accagtagga cttgagggac 300
tgcttactac taagtggctg ctgcgaggga aggaccacgt ggtctcagat ttctcagagc 360
atgaaagttt aaaatatctt catgagaacc tccctattcc tcaagagaaaac accaactgaa 420
aagagccagg aaaacccggg aatttccaa aaggctttca cgtttaaactt gtcttatctc 480
aggagagagc ccgcttctgt ctcccagttc ctggtagggt ctgcctgtg gaaagtgtac 540
ctggatgctt ctgggctccg tttggcaata gcaatcttgg tttgatgtca cagttctggct 600
30 cccagctcac cttttttttt taaaagtaaq aaaatagttt tttaccgataq ggactttgcc 660
aagtccaatt atcttctagg attgaaaggt gcattttccc cataaaaaaaag gcgaggaaaa 720
cccatggctg ctttgtgtca cctcagtgtac ttacagtccc ctttggcatt tagttggtag 780
tagagccagt catcccttaac aaatctttc acattttatt tttttcacat gtatgtatct 840
tcaaaaagga aagatttggg attttagaaa aggggcaact cttctttta gcatctcat 900
35 cagaaaagtca caaaaatcga tggaaatcatt tccactggga agattgaccc tttgtatcca 960
tttgtgggtt aaattaataa gcattccaga tgcttgcagc ttcctgcattt caggagatgc 1020
tgtgttcccc gtgtatgcagc tggaaacccaa gctgcagcag gagatgcaag tttcaggatg 1080
ttccccactg agctggagga atatctacag cagtatgtct tggaaatttt gtatgtatct 1140
tttgtcgctt ctaccctttt cctccaaaac aaaaattttaga ggattatttt aatactttgg 1200
attcttcccc cttttttaga aataaaatgtt ttttatggaa agccaaaaaaa aaaaaaaaaa 1259

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1938 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

10	ccaagatggc ggcacgatgc ctgcccggct gttggggtgg cggtgacgac aggtagaaaa 60
	agaccagctg gtcccaagatt cgctgctgga gtgctggatg gagcccttct ctgcctctg 120
	tgacatttcc aatttttagat aatgcctcac atctctgtcc cccccgggacc ccctggagcc 180
	cccatgatcc ctaagaagac agcttgaacc tagatctcac ccccaggatg ttgcggaggc 240
	tgctggagcg gccttgcacg ctggccctgc ttgtgggctc ccagctggct gtcataatgt 300
15	acctgtcact ggggggcttc cgaagtctca gtgccttatt tggccgagat cagggaccga 360
	catttgcata ttcttacccct cgtgatgtt acagtaacct cagtcacccct cctggggccc 420
	caggggggtcc tccagtcct caaggtctgc cctactgtcc agaacgatct cctctcttag 480
	tgggtcttgt gtcgtgtcc tttagccca gtcacatcaat ggcagagatt gtggagcgg 540
	atccccgggt agaaccaggg ggccggtaacc gcctgcagg ttgtgagccc cgctccgaa 600
20	cagccatcat tgcgcctcat cgtgcccggg agcaccaccc ggcgcctgtc ctctaccacc 660
	tgcacccctt cttgcagcgc cagcagctg cttatggcat ctatgtcatc caccaggctg 720
	gaaatggAAC atttaacagg gcaaaactgt tgaacgttgg ggtgcgagag gcccgtcg 780
	atgaagagtg ggactgcctg ttcttgcacg atgtggaccc tttgcccagaa aatgaccaca 840
	atctgtatgt gtgtgaccccc cggggacccc gccatgttgc cgttgcataa aacaagttt 900
25	gatacagcct cccgtacccc cagtaacttcg gaggaggctc agcacttact cctgaccagt 960
	acctgaagat gaatggcttc cccaatgaat actggggctg ggggtgttag gatgacgac 1020
	ttgctaccag ggtgcgcctg gctggatga agatctctcg gccccccaca tctgtaggac 1080
	actataagat ggtgaagcac cgaggagata agggcaatga gggaaatccc cacagattt 1140
	accttcctgtt ccttacccat aatttcttgcg cgcacatgg gatgaaactca ctgacatacc 1200
30	agtttgcgtc tcgagagctg gggcctctt ataccaacat cacagcagac attggactg 1260
	accctcgggg tcctcggtt cttctgggc cacgttaccc acctgggttcc tcccaagcct 1320
	tccgtcaaga gatgtgtcaa cggccggccc cagccaggcc tgggcctcta tctactgcca 1380
	accacacacg cctcccgaggt tcacactgac tcctcttcc tgcacatcaat aatcatgaa 1440
	ccgaattcat ggggttgtat tctccccacc ctcagcttcc cactgttctc agaggatgt 1500
35	gagggaactg aactctggc cctgtctagg gggtagggc ctctccctca ctgtggact 1560
	ggagctggc tcctgttagac ctgaggggtc cctctctcta gggtctcctg tagggcttat 1620
	gactgtaat ctttgcgttc atgatttat gtgacgatcc ctggaggatcc ctggcccttag 1680
	agttaggagca gggctggacc ccaagccctt ccctttcca tggagagaag agtgcgtgg 1740
	tttctcttcg gacctctgtg aatattttt ctatttatgg ttcccgaa gttgttgg 1800
	gaaggaagcc ctcctcggtt cattttctgc ctatgtgttca atagctccctt cttctggc 1860
40	tggctcaggc ggctggatt ttgtatatt ttctataaaa ggactttgtc tcgaaaaaaaa 1920
	aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaaa 1938

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1874 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 50 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

caaaaaaaaaacc tcttaatatt ctggagtcat cattcccttc gacagcattt tcctctgctt 60
 taaaaagcccc agaaatca gttggccatg atgacaacta cagaaaaacc agaggcagct 120
 tctttgc当地 gaccttcaa agccattttt ggctgttagg ggcagtggag gtagaatgac 180
 tccttggtt ttagagttt aaccatgaag tctctaacaa tgtatTTCT tcacctctgc 240
 tactcaagta gcatttactg tgtcttttgtt ttgtgtctagg ccccccgggtg tgaagcacag 300
 acccccttcca ggggtttaca gtctatttga gactcctcag ttcttgccac tttttttttt 360
 aatctccacc agtcattttt cagacctttt aactcctcaa ttccaaacact gattccct 420
 tttgcatttc ccctccttcc cttccttgc gcctttgac tttcatttga aattaggatg 480
 taaaatctgtt caggagacct ggaggagcag aggataatta gcatctcagg ttaagtgtga 540
 gtaatctgag aaacaatgac taattcttgc atattttgtt acttccatgt gagggtttc 600
 aqcattgata tttgtgcatt ttctaaacag agatgaggqtq qtatcttcac gtagaacatt 660
 ggtattcgct tgagaaaaaa agaatagtt aaccttattt tctttcttta caagatgggt 720
 ccaggattcc tctttctctt gccataaaatg attaattttt tagtttttgtt gtcttacatt 780
 ggttagccagc cagccaaaggc tctgtttatg cttttggggg gcatatattt ggttccattc 840
 tcaccttatcc acacaacata tccgtatata tccctcttac tcttacttcc cccaaatttta 900
 aagaagtatg ggaaatgaga ggcatttccc ccacccatt tcttccttca cacacagact 960
 catattactg gtaggaactt gagaacttta tttccaagtt gttcaaaacat ttaccaatca 1020
 tattaataca atgatgctat ttgcaattttc tgctctttagg ggaggggaga taagaaaccc 1080
 tcactctcta caggtttggg tacaagtggc aacctgcttcc catggccgtg tagaagcatg 1140
 gtgccctggc ttctctgagg aagctgggt tcatgacaat ggcagatgt aagttattct 1200
 tgaagtca gttgaggctgg gagacagccg tagtagatgt tctactttgt tctgctgtt 1260
 tctagaaaatg atattttgtt ttccctgtata ggaatgagat taattccctt ccaggtat 1320
 tataattctg ggaagcaaaa cccatgcctc cccctagccca tttttactgt tatcctat 1380
 agatggccat gaagaggatg ctgtgaaatt cccaaacaaac attgtatgtg acagtcatg 1440
 agtctggag tggggaaagtg atctttgtt cccatcctt tcttttagca gtaaaatagc 1500
 tgagggaaaaa gggagggaaa aggaagttt gggataacct gtgggtgggt tgatccctag 1560
 gtcttggag ctcttggagg tggctgttac agtgatttcc ccatccccctg tggaaattt 1620
 gtaggctcat ttactttttt aggtcttagcc tatgtggatt ttttcttaac atacctaagc 1680
 aaacccagtg tcaggatggt aattcttattt ctttcgttca gttaaagtttt tcccttcatc 1740
 tgggcactga agggatatgt gaaacaatgt taacattttt ggttagtcttcc aaccaggat 1800
 tgtttctgtt taacttctta taggaaagct tgagtaaaat aaatattgtc tttttgtatg 1860
 tcaaaaaaaaaaa aaat 1874

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

45

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

5 RDIWTMNLQR YWGEIPISSS QTNRSSFDLL PREFRLVEVH DPPLHQPSAN KPKPPTMLDI 60
 PSEPCSLTIH TIQLIQHNRR LRNLIATAQA QNQQQTEGVK TEESEPLPSC PGSPPLPDDL120
 LPLDCKNPNA PFQIRHSDPE SDFYRGKGEV VTELSWHSCR QLLYQGSGTN PGQRRAFDCA180
 NESVLEDPNL MLAHEYWP 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 10 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

IVWMVRLHGS EGMSSIVGGF GLLAEGWCRCG GSWTSTRRNS RGSKSKELLL VWLDDIGISP60
 QYLICRFIVHM SLQVQQTTEIK CQAFCVGQRL IM 92

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

DPCPERSTKN RHGAQGMPKS LQGFPRRSA GAGANHRVLR SPDVQGSRKT GRSGPEPRQG60
 GTTLEFTAASQ SGLGGCLDL RPEARIASDP ESWFVD 96

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

EGRVQQGSEFV NVQQGPQEFP IEFIHQLTQA IKSTHGTTI PRVSRITLKD KP

52

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

PSRTSHSGTL PIPRLKICFK KRGNMNKDPT TLLAQVLFTL NFLNLDN

47

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

LSKFKKLRVN NTCASSVVGS LFIFPLFLKH IFKRGGMGNVP LWLVLEGYTR YPWNGRCSMC60

ALNCLG

66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- 5 (A) LÄNGE: 187minosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

REGEGRPEGN GDIRGGLRSG CDLSLLAPLL PPSSSESWEC CYPWKIKLGL QELSVWEESM 60
 AQHSACVPFC SGSLSPPPSQ PQRRLSPSPSS SPEDSSDGRA GPPEPTGSSG CTGSWCSLSP120
 VHF SHWGMEC PCILCCRSRH LHLRGLGSPS SPQCPQSLSQ TVGWNMRLEA ERGSEHHSPC180
 TWVASCP 187

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149

- 30 (A) LÄNGE: 147minosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149

45

REDWNRGKGE VAPCFVQPGS WQPWCWGLDP TTPAHLAEHL VPIEDCLPLL LHLQLPPLLG 60
 TFHTLQDCVC SGSPEGCSSC CHRASILILL LIVQLLSVCI RLSDQRVHQH QEGHVEQQGT120
 HHGVDDNDL LDGGGLRSSY LHSHSRQ 147

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

55

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150

25 FFFFFFWREIK QFNDGFLDLH TTLRQEDKIF SPCTGTTKFR DKRQPKYRGC GVQIHAQPRV 60
SCSNRPGSGV TVDTGERRDC PDPSSAGEGT GSRVMGTPC PSARSAQGTA NTSFQCTLKT120
QWAQGAQLSH QSCPQGWSWG WG 142

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151

35 (A) LÄNGE: 464inosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151

60 RQQTVLGSCS SSILPCQLLK HQGSSKTEMT KNWLIQTKRR YFSSPKQMSM THWPRTAWLT 60
GCSVTLFLFP SQYVVDVASLG LVPQLTGGLT YKYNNFQMHL DRQQFLNDLR NDIEKKIGFD120
AIMRVRTSTG FRATDFFGGI LMNNNTDVEM AAIDCDKAVT VEFKHDDKLS EDSGALIQCA180
VLYTTISGQR RLRIHNLGLN CSSQLADLYK SCETDALINF FAKSAFKAVL HQPLKVIREI240
LVNQTAHMLA CYRKNCASPS AASQLILPDS MKVLPVYMNC LLKNCVLLSR PEISTDERAY300
QRQLVMTMGV ADSQLFFYPQ LLPIHTLDVK STMLPAAVRC SESRLSEEGI FLLANGLHMF360
LWLGVSSPPE LIQGIFNVPS FAHINTDMTL LPEVGNPYSQ QLRMIMGIIQ QRPySMKLT420
IVKQREQPEM VFRQFLVEDK GLYGGSSYVD FLCCVHKEIC QLLN 464

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152

50 (A) LÄNGE: 172minosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152

TMLEKIPKEE QEETSAIRVG FITYNKVLHF FNVKSNLACP QMMGVTDVGE VFVPLLDGFL 60
 VNYQESQSVI HNLLDQIPDM FADSNENETV FAPVIQAGME ALKAADC PGK LFI FHSSLPT120
 AEAPGKLKNR DDKKLVNTDK EKILFQPQTN VYDSLAKDCV AHRLLCDTLP LS 172

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153

- 15 (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153

GSTVFTEFVI VLELHGHCLV TIDGSHFYIG GVVHQDSTKE ISGSETCACT NPHNSIKAYF 60
 LFNI ISEVVQ KLLSIQVHLE IVVFVKGSSS ELRNQPQRGH VHILTRKEEE CHRAAGEPRS120
 PWPMMSHRHLF GAGKVSSLCL Y 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- 35 (A) LÄNGE: 504 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

LDRCGLYPVS SLLQVEGSLW RAAGVFQPPP GLAHANDWRF TARVHGGALG EHDKMVAAT 60
 GSEILLWALQ AEGGGSEIGV FHLGVPVEAL FFVGNQLIAT SHTGRIGVWN AVTKHWQVQE120
 VQPITSYDAA GSFLLLGCNN GSIYYVDVQK FPLRMKDNDL LVSELYRDPA EDGVTALS VY180
 LTPKTSDSGN WIEIAYGTSS GGVRVIVQHP ETVGSGPQLF QTFTVHRSPV TKIMLSEKHL240
 55 ISVCADNNHV RTWSVTRFRG MISTQPGSTP LASFKILALE SADGHGGCSA GNDIGPYGER300

DDQQVFIQKV VPSASQI LSSTGQRVCS VRSVDGSPTT AFTVLE RRLGSRPRRY360
 LLTGQANGSL AMWDLTTAMD GLGQAPAGGL TEQELMEQLE HCELAPPAPS APSWGCLPSP420
 SPRISLTS LH SASSNTSLSG HRGSPSPPQA EARRRGGSF VERCQELVRS GPDLRRPPTP480
 APWPSSGLGT PLTPPKMKLN ETSF 504

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 10 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

25 GQPARPGAMA AAATAAEQGP SRGPPGEVIH LNVGGKRFST SRQTLTWIPD SFFSSLLSGR 60
 ISTLKDETGA IFIDRDPTVF APILNFLRTK ELDPRGVHGS SLLHEAQFYG LTPLVRRQL120
 REELDRSSCG NVLFNGYLPP PVFPVKRRNR HSLVGPQQLG GRPAPVRRSN TMPPNLGNAG180
 LLGRMLDEKT PPSPSGQPEE PGMVRVCAGH HNWIAVAYTQ FLVCYRLKEA SGGQLVFSSP240
 RLDWPMRTTG ASQPGCMVGL WVNMTTRWWQQ PPAARSCYGL CRRKAVAPR 289

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- 35 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

50 VPQDGQIPRH HGSCVVQKEV SLSFILGGVR GVPRPLEGHG AGVGGRRRSG PLRTSSWQRS 60
 TKLPPP RRA SACGGLGLPR WPDKEVLLEA EWRLVREM R EGGLGRQPHEG AEGAGGASSQ120
 CSSCSISSCS VRPPAGAWPR PSMAVVRSHM AKLPLAWPVS R 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

- 55 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

15 QLGWGEAGSD SRPAMGCDGG TIPKRHELVK GPKKVEVKDK DAEVVAQWNY CTLSQEILRR 60
 PIVACELGRL YNKDAVIEFL LDKSAEKALG KAASHIKSIK NVTELKLSDN PAWEGDKGNT120
 KGDKHDDLQR ARFICPVVGL EMNNGRHRFCF LRCCGCVFSE RALKEIKAEV CHTCGAAAFQE180
 DDVIVLNGTK EDVDVLKTRM EERRLRANWK RKQRNPRQQS LFQNQMSVKK PQGHQKLRQG240
 SLKKPALILE RRKPTWLWKA QQ 262

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- 25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

CHRAQWHQGG CGRAEDKDGG EKAEESELEKK TKKPKAAESV SKPDVSEEAP GPSKVKTGKP 60
 EEASLDSREK KTNLAPKSTA MNESSSGKAG KPPCGATKRS IADSEESEAY KSLFTTHSSA120
 KRSKEESAHW VTHTSYCF 138

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

HLVLKQTLLP WVSLFSFPIR SQPSLLHPCL QHVHILLGAI EHDDIILLEG SPTRVANFRF 60
YLFGQSLRKH TAAAPKEAEP VSAVHLQAHN GADETRPLEV IVLVTFSVSF IPFPGRRIIRK120
LQLCHILNAF NVRCCLPKSL FCRFVQEKFN DGIFVIKSAC FTGNYWSS 168

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- (A) LÄNGE: 238 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 15 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

30 HQWHITAMGS QHSAAARPSS CRRKQEDDRD GLLAEREQEE AIAQFPYVEF TGRDSITCLT 60
CQGTGYIPTE QVNELVALIP HSDQRRLPQR TKQYVLLSIL LCLLASGLVV FFLFPHSVLV120
DDDGIKVVKV TFNKQDSLVI LTIMATLKR NSNFYTVAVT SLSSQIQYMN TVVNFTGKAE180
MGGPFSYVVF FCTVPEILVH NIVIFMRTSV KISYIGLMTQ SSLETHHYVD CGGNSTAI 238

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 40 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

SSHEDHYVVA QDLRYRAEEV HIGKRSSHLG LPGKIHHCVH VLNLAGQAGH CHRVEVGVPD60
FQGGHDGENY KGVLLIKCDF HHFDAVIIHK D 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- 5 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

MRKQEENHQT RCQETKQDGQ EDILLSSLRA QSLITVWDQS HQLIYLLCWN VACPLARETG 60
 DAISPGEFHI WELSNFFLL SFSQQTVPVI FLLSPAGGGA SSSGMLRPHG RDMPLVSCPA120
 SSVGGAARTQ RAG 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- 25 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

AAGAAGPHRR RHPLHPSLLR EHHSQAQAPE GVRPGQSTLS RIEAVQPQLP RPSGLPSLWG60
 WLPWLLGTRP QRHPEIPPET QCASTAVRRS A 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- 45 (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

LDNPTQRNKD QLIRAAVKFL DTDTICRYRVE EPETLVELQR NEWDPPIIEWA EKRYGVEISS 60
 STSIMGPSIP AKTREVLVSH LASYNTWALQ GIEFVAAQLK SMVLTGLID LRLTVEQAVL120
 10 LSRLEEEYQI QKGWNIEWAH DYELQELRAR TAAGTLFIHL CSESTTVKHK LLKE 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

15

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

CLGLLHPVAD GVGVQKLHGC PDQLILVSLG WVVQSRVAQC GQVHGVVLDG ILLGIPLSTL60
 CTCQGL 66

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

40

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SWRETEIKEQ LTEHLCTIIQ QNELRKAKKL EELMQQLDVE ADEETLELEV EVERLLHEQE 60
 VESRRPVVRL ERPFQPAEES VTLEFAKENR KCQEQA VSPK VDDQCGNSSS IPFLSPNCPN120
 QEGNDISAAL AT 132

(2) INFORMATION NUMBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

QILMSHSPQQ AEMASLNEPL VSLILLLV RV AISRPPPQAP KSLHRLLHLV VASTPPTSWP60
FGAHFAV 67

67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 25 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

40

NGLSKRTTGL LDSTSCSCSM LSTSTSSSKV SSSASTSSCC INSSNFLAFR SSFCCMIVQR60
CSVSCSFISV SRHE 74

74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

4

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOI FKÜL TYP· ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5
: (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

10
: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

GRGGLGCRSW RCAGSSRPYS EVFSVALLER GSSCILRIFC ISAPFSSRCH RMPQIGPVPS60
VNQTSETASL QQQSPSTDEL ERDSEMQR89

15
: (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- 15
: (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

20
: (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20
: (iii) HYPOTHETISCH: ja

25
: (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30
: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

GPLHFRIPLK LICWTTLTK RGGFRSLIHR GDRTYLGHPM AARREGSRNA KYSQDAGGTP60
30
LKERRQENFR VRAR74

35
: (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- 35
: (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40
: (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40
: (iii) HYPOTHETISCH: ja

45
: (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50
: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

AVAFQNPSQA HLYLDSDPEA RRFPKSDSPR GQDLFGASDG SEKRREPCK IFSRCRRNPS60
50
QGAPRRKLQS TGAMIQHNAR TCSPAHLSP89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- 5 (A) LÄNGE: () Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

PSPAVLGDQP PSASGAVHRK LSLEVCCCQE RAQMGPVMAA TSTSCGRARL LARSAQWLTT 60
 MLSSAAVWLG SRRLLTCGEN PSYALVAFLC LSRESPSAKP 100

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 25 (A) LÄNGE: 495 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

SRTNTPVETW KGSKGKQSYT YIIIEENTTS FTWAFQRTTF HEASRKYTND VAKIYSINV 60
 NVMMNGVASYC RPCALEASDV GSSCTSCPAG YYIDRDSGTC HSCPPNTILK AHQPYGVQAC 120
 VPCPGPTKNN KIHSLCYNDC TFSRNTPTRT FNYNFSALAN TVTLAGGPSF TSKGLKYFHH 180
 FTLSLCGNQG RKMSVCTDNV TDLRIPEGES GFSKSITAYV CQAVIIPPEV TGKAGVSSQ 240
 PVSLADRLIG VTTDMTLDGI TSPAELFHLE SLGIPDVIFF YRSNDVTQSC SSGRSTTIRV 300
 RCSPQKTVPG SLLPGTCSD GTCDGCNFHF LWESAACPL CSVADYHAIIV SSCVAGIQKT 360
 TYVWRREPQLC SGGISLPEQR VTICKTIDFW LKVGISAGTC TAILLTVLTC YFWKKNQKLE 420
 YKYSKLMVNA TLKDCDLPAA DSCAIMEGED VEDDLIFTSK KSLFGKIKSF TSKRTPDGFD 480
 SVPLKTSSGG PDMDL 495

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 55 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: F

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

GHNEEISSSG CCRMLAPKSP QACKGAMQGE EAGEAGSASH RMSGPPEDV FSGTESNPSG 60
VLLEVNDLIF PKSDFLLVKM RSSSTSSPSM MAQLSAAGRS QSLRVAFITS LEYLYSSF 118

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

RNTRGHFRAC QRKLKPCSVS TVYKFNRNAC QRGLFEKRVP SEPVL SVQEK GVLLKRKLSL 60
LEQDVIVNED GRNK LKKQGE TPNEVCMFSL AYGDIPEELI DVSDFECSLC MRLFFEPVTT 120
PCGH SFCKNC LERCLDHAPY CPLCKESLKE YLADRRYCVT QLLEG INSEV SA 172

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 248 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

QIGGTVSHSC WKELI₅ LP DELSERKKIY DEETAELSHL TKNV₁₀ CT MAYPTVPCPL 60
 HVFEPRYRLM IRRSIQ₁₅ GTK QFGMCVSDTQ NSFADYGCM₂₀ QIRNV₂₅ LPD GRSVVDTVGG120
 KFRVLKRG₃₀ M KDGYCTADIE YLEDVKVENE DEIKNLREIH DLVYSQACSW FQNLRDRFRS180
 QILQHFGSMP ERRENLQAAP NGPAWCWLL AVLPVDPRYQ LSVLSMKS₃₅ LK ERLTKIQHIL240
 TYFSRDQF ₄₀ 248

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- 10 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

25 HSTSyllDT₅ LSFLCKEDNM VHDLNNAQDN SYRTNVRKGL LLAQKTTSCR ENTRNLRHRL 60
 ILLEYHHKL₁₀ R KTYRLHWEFL LVFSAYFFHL HLQSHPV₁₅ LKE TFFFSAEHLF LELTEQVLRA120
 LFFQTVLSGR HFC ₂₀ 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 30 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
 EEPEPLSPEL EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFP₁₀ CGILLF ILTKREVDKD RVKQM₁₅KARQN120
 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGS₂₀ GVG QT ₂₅ 152

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- 55 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

15 EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFICFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQGKPMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCAA RVLL 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 :

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 :

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

35 GLATAWASCA LWWTSEARTG IWAKPEDLTV NSLGGSQRSS GLHPRPNIRG RGTLGGSPEP 60
LALILARVGQ PHVLPSLHLL HTVLVHFPLG EDEEEEDTTRE ADGPGQSHSF HGVLAPLSGN120
VFQLRG 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

40 :

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 :

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 :

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

LVKCPKGEGFS FHSNKDFAH SLKQNVAMNI QPLHTYKDVR MIPPTKHTHS HTRTHHMHT60
RACHTGHMHT HTHT 74

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

10

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH



25

ILISFKQRQI CAFTQAECGH EYSAPAYIQR CTHDSPHQAH TQSHTHTHTH AHTRVHTRTH60
AHTHAHVNTC THAHTCTHAH TDTL 84

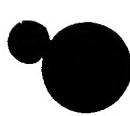
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

30

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF



40

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

45

VCPCVHVCTC VHVMCLRVR VCVHVSVCAR ACVHVCVCAC VTVCVLGGGN HAYIFVCMQG60
LNIHGHILLE 70

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

TVKFLRRLKV RGTKAGEISL SPEEGEADGS QQPALFLRVI FKFANCITGG PTFCFYQEFFF60
ECSKTLVMGI F 71

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

20 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

YLNLQIVLQE GLLSVFIKSF SFVQRHWLWE YFERVRNAGI KRCCRLILKV LTEPV

55

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

50 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

KQGRLLTSIC FSLLRTKANL PCFGSPHFQP SQEFHCS

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 5 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

SPLLWFPALS AFSGISLFII YFHDLASKLL IFCRKVV

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- 25 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

40 MPDFKIARRK QTLRIKKAGH LLNPWLHHKA LGLGFLYLIE VFSVALGAVC LSPTPKDARK 60
 TSTISHVATE TSMPHKCLSE SPNSAFTPQNK PNAIRQKKKK 100

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- 50 (A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

RSQAGPEAGQ PLPGSGKRSS CCHCSSGACS MGPLPRTVEL FYDVLSPYSW LGFEILCRYQ 60
 10 NIWNINLQLR PSLITGIMKD SGNKPPGLLP RKGLYMANDL KLLRHHLQIP IHFPKDFLSV120
 MLEKGSLSAM RFLTAVNLEH PEMLEKASRE LWMRVWSRNE DITEPQSILA AAEKAGMSAE180
 QAQGLLEKIA TPKVKNQLKE TTEAACRYGA EGLPITVAHV DGQTHMLFGS DRMELLAHLL240
 GEKWMGPIPP AVNARL 256

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- (A) LÄNGE: 190 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

SLAFTAGGIG PIHFSPSRCA SSSIRSEPNM MWVWPSTWAT VMGSPKAPYL QAASVVSLSW 60
 35 FETEGVAIFS RSPWACSADI PAFSAAARML CGSVMSSFLD QTRIHSSRDA FSSISGCSKF120
 TAVRKRMADK LPFSSITDKK SLGKWMGIWR WCLRSFKSFA MYSPLRGSRP GGLFPLSFMI180
 PVMRLGRNCR LMFAQIF 196

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

EQRASAMRSS RAFRTVCSSW ATHGQLPAGL DOKTNIKTVC TYWEDHSC
 AKDMWDKLKRK ESKNLNIQGS LFELCGSGNG AAGSLLPAFP VLLVSLSAAL ATWLSE 60
 116

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 10 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

25 KRESGFPTIL YECFQHHRES QRPQRTNGSS SRFPGAWSEC GWARGGSWPH AQKESQVAKA 60
 AERDTRSTGN AGSRDPAAPL PLPQSSNKLP WMLRFLDSFL SLSHISFAPS WQSRAVTVQI20
 LWKSSQYVHT VLMFVLSSRP AGSWPCVAQL EQTVRKALED RIALARCSHG LHQIRYLNHRE180
 182
 DQ

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

- 35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

50 HLANKTQEIK RNKKENQDFP QSYMSVFSIT ENHNVPKELM DLPLDFREHG VSVGGRAGGA 60
 GPTLRRKARS LKLPRETPGA PGTPGAGTPP PRCRCCRVRI SCLGC 105

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

- (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

20 EIYSLSRFIE VKMSKKISGG SVVEMQGDEM TRIIWE LIKE KLIFPYVELD LHSYDLGIEN 60
 RDATNDQVTK DAAEAIIKKHN VGVKCATITP DEKRVEEFKL KQMWKSPNGT IRNILGGTVF120
 REAIICKNIP RLVSGWVKPI IIGRHAYGDQ YRATDFVVPG PGKVEITYTP SDGTQKVTL180
 VHNFEEGGGV AMGMYNQDKS IEDFAHSSFQ MALKGWPLY LSTKNTILKK YDGRFKDIFQ240
 EIYDKQYKSQ FEAQKIWIYEH RLIDDMVAQA MKSEGGFIWA CKNYDGDVQS DSVAQGYGSL300
 GMMTSVLVCP DGKTVEAEAA HGTVTRHYRM YQKGQETSTN PIASIFAWTR GLAHRAKLDN360
 NKELAFFANA LEEVSIEETIE AGFMTKDLAA CIKGLPNVQR SDYLNTFEFM DKLGENLKIK420
 LAQAKL 426

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

(A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

45 RLLPKHLQRR QALYCYQALL CGLTLSRQK WKQWDWWWTSP VLSGTCGSDG LQSRGQPPLL60
 LSCHLDKPAR WSSCRESHTL GPQSPTARHH HSFYRPR 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

50 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

5

LILIIHPHGN TTTFFKVMYQ VCHLLGSVTW CVGYLYFSRP RNNKISCSV LIPISMPTYDD60
RFYPSTHKPG DIFADNGFSE DRATQNISYG AIW 93

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- (A) LÄNGE: 410 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

TDQPNIQSVK IHSPLPLRNPN KGCECPERRD GFGFIKCVDR DVRMFFHFSE ILDGNQLHIA 60
DEVEFTVVVD MLSAQQRNHAI RIKKLPGTV SFHSHSDHDF LGTVEKEATEF SNPKTTSPIK120
30 GKEKEAEDGI IAYDDCGVKL TIAFQAKDVE GSTSPQIGDK VEFSISDKQR PGQQVATCVR180
LLGRNSNSKRL LGYVATLKD NFGFIETANH DKEIFFHYSE FSGDVDSLEL GDMVEYSLSK240
GKGNKVSAEK VNKTHSVNGI TEEADPTIYS GKVRPRLRSV DPTQTEYQGM IEIVEEGDMK300
GEVYPFGIVG MANKGDCLQK GESVKFQLCV LGQNAQTMAY NITPLRRATV ECVKDQFGFI360
NYEVGDSKKL FFHVKEVQDG IELQAGDEVE FSVIPKSSGG LAGSGACRCF 410

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

LNAILNFFHM EKELLAISYF IVNEAKLIFH TFHCGPAQGC DVVSHSLCIL AQDTQLELDA 60
LPFLQAIPFV GHPNDAKWID LTFHIALLHN LNHSVLVSLC WINTPQGANY FARVNGGISF120
55 LSNAIH 126

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

- 5 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

KSHTSCNLLS RPLFVTNTKE NLISYLRSSR SFHILGLKSN SQFHPTVIIS NNAILSLLLL60
AFIWASGFRI GKSGFFFYRA QKTVI 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

ATMRLSVCLL MVSALACCYQ AHALVCPAVA SEITVFLFLS DAAVNQVAK LNPPPEALAA60
KLEVKHCTDO ISFKKRLLI 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- 45 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 [View Log](#) [Email Log](#)

(iii) HYDROLYTICALLY

- 5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

SVQCFTSNLA ARASGGGLSL ATWRFTAASL KNKKTVISEA TAGQTRAWAW

50

- 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

QVAVEKTLET QVEHFYMSHT HIFSLFPPRT FSNEKPFLKR YLIGAVLHFQ LGCKSFWRWI 60
KFGNLEVYRS VT 72

- 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

SFSPSLTTRA MNSSASSTST CSSYTLGTRL PVGGRGPTKV TCCTSNRLLTL SLD

53

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 12 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

ALVVRFLTKR FIGDYERNAG NLYTRQVQIE GETLALQVQD TPGIQVHENS LSCSEQLNRC 60
IRWADAVVIV FSITDYKSYE LISQLHQHVQ QLHLGHPAAC GWSWANKSDL LHIKQVDPQL120
G 121

121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- 25 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

LLHVLVELAD EFIALVVSDG ENDHHSICPA NAPIQLFTAA QAVLMDLNTW SVNLNLKSQGF60
TEYLNLSSE ITCISFIVTD ESFGEEPDHO C 91

91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

- 45 (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS, MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

LYPNFLVNEL ILKQKQRFEE KRFKLDHSVS STNGHRWQIF QDWLGTDQDN LDLANVNML 60
ELLVQKKQL EAESHAAQLQ ILMEFLKVAR RNKREQLEQI QKELSVLEED IKRVEEMSGL120
YSPVSEDTV PQFEAPSPSH SSIIDSTEYS QPPGFSGSSQ TKKQPWYNST LASRRKRLTA180
HFEDLEQCYF STRMSRISDD SRTASQLDEF QECLSKFTRY NSVRPLATLS YASDLYNGSS240
IVSSIEFDRD CDYFAIAGVT KKIKVYEYDT VIQDAVDIHY PENEMTCNSK ISCISWSSYH300
KNLLASSDYE GTVILWDGFT GQRSKVYQEY EKRCWSVDFN LMDPKLLASG SDDAKVKLWS360
TNLDNSVASI EAKANVCCVK FSPSSRYHLA FGCAHCVHY YDLRNTKQPI MVFKGHRKAV420
SYAKFVSGEE IVSASTDSQL KLWNVGKPYC LRSFKGHINE KNFVGLASNG DYIACGSENN480
SLYLYYKGLS KTLLTFKFDT VKSVLKDORK EDDTNEFVSA VCWRALPDGE SNVLIAANSQ540
GTIKVLELV 519

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

30 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH; ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

GTVLSSLTGE YKPLISSTLL ISSSKTLLSSF WICSSCSLLF LLATLRNSIR ICSWAACDSA60
SSCFFFCTSN SNIRLTLAKS RLSWSVPNQS 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

50 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

FPSSLLFFFF FFFFFCGSIN FYCFVIYFYS KEFVLSQKL DNTTKSSNVH GVTLMVESWL60
GIPNVPKVIK EGKEKKKKIF KTNPKPMMTL GRDIT 95

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

KKMVRLGLFS CLLAIYSLLW IVCIPYLLSI GLCVDILFLF VQHLLPHLLV TQPLFICGEP60
I PCGLGEHVT R P G L L S P T A S 80

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

LKKGKWAKAI HNRKCKWPRN MKRCSSSLIF KEKKEILPTR LAKIFKDSDL ADYRQTGILT60

NDGVVNW

67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

SPEVGQALGT AGSRASRKMT SELSSLSISA SIRVSPQTDS LHMAQIQAYM VLGSWDLHKA60
FFPVVPAAEV LRAFLSLA 78

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
30 (D) TOPOLOGIE: linear

 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

QAGKRALYKH TQTNTSGDGC VLLEQRLIKH SVCWLSVPLL ENNELGKEQL IRKCALLTVH 60
ITTKSWQLLK EKGLCRCRSN LSVNSCQQPQ RLPPQHTLIT CVCLA 105

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
50 (D) TOPOLOGIE: linear

 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

10 LSLTSRMEEA ELVKGRLQAI TDKRKIQEEI SQKRLKIEED KLKHQHLKKK ALREKWLLDG 60
 ISSGKEQEEM KKQNQQDQHQ IQVLEQSILR LEKEIQLDEK AELQISTKEE AILKKLKSIE120
 RTTEDIIRSV KVEREERAEE SIEDIYANIP DLPKSYIPSRLR KEINEEKE DDEQNRKALY180
 AMEIKVEKDL RTGESTVLSS IPLPSDDFKR SRSKSL 216

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

20

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

35

FCFFFISSCSF PLLIPSRSHF SLKAFFFFKCW CFSLSSSIIFR RFCEISSCIF LLSVMMAWSLP 60
 FTSSASSILE VKDSQTGKQV QSYHKSRSLL GERSGGDRRE AGRNPLFAPV EK 112

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

45

- (A) LÄNGE: 339 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

55

SQLRRRLVP APAAPR HGVLRGRLRG DRWQWSHWAK WAMLFA QVKLYDIEQQ 60
 QIRNALENIR KEMKLLQAG SLKGSLSVEE QLSLISGCPN IQEAVEGAMH IQECVPEDLE120
 LKKKIFAQLD SIIDDRVILS SSTSCLMPSK LFAGLVHVHQ CIVAHVNPP YYIPLVELVP180
 HPETAPTTVD RTHALMKKIG QCPMRVQKEV AGFVLNRQLY AIISEAWRLV EEGIVSPSDL240
 5 DLVMSEGLGM RYAFIGPLET MHLNAEGMLS YCDRYSEGIK HVLQTFGPIP EFSRATAEKV300
 NQDMCMKVPD DPEHLAARRQ WRDECLMRLA KLKSQVQPQ 339

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- 10 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

KDPQITQKGI TKIITKIFCP HINMKTTITG CQIIILKCNA EKEVKVISRL SAQVAGNRQP 60
 RERKCCCAAR PRAMIQSDGQ TTGLHHPTQA AHKTASLGSP WAATYVTEG 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

- 30 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

LNIIPSALRCM VSRGPMNAYR MPNPSDMTRS RSLGDTIPSS TSRQASLMIA YCRRFRTPKA60
 TSEFWTRMGHC PIFFIRAWVL STVVGAVSGW GTSSTSGM 98

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

25 TMFFT CGPNE AMVVSGFCRS PPVMVAGGRV FVLPCIQQIQ RISLNTLTLN VKSEKVYTRH 60
GVPISVTGIA QVKLSEPFPH SPLPHHPLSQ TLRHLLATVF STLACREVPL LVSSFPGTPR120
129 HLPPPPFFFFP

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

35 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

60 DGDPMASVNL FTLDIEGQCV ERDPLDLLDA GQDKDTPSSH HDWGASAEPG DHHLGLIWATS 60
EKHGSGWSFR DAGGSPAGVS GRAGSRRDLG AGQGPLADQL SWELAPSRVP HPAAPRCC 118

70 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

75 (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

80 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

85 (iii) HYPOTHETISCH: ja

90 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

95 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

WPSGGPLTSP GQCGQSQ₆₀ S SPATSDRRPP TSPCSAPGFL PVARVGVGKV WWGSHEVRGK 60
AEREGRALSE MLLPFQGKKKG GGGKCLGVPG KDETSGTSL QARVEKTVAR RCLNVWERG 119

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- 10 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

20 GRRTLFATF GGYPGSLGCS LSGEANISLV SFFHPLNCKL RITQAHHYSR LGLASQSTLC60
PACHCCHELL LCQPKQRKYG FSCIIFPPFGW FVE 93

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- 30 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

45 NLIYPNSSMY SDTFSEKARI IGAVALSIKGK SSDHLHYNFL CLFSAGEEEIH IYSTPHWTQ60
NACIFCPSAI CSLPFOLLKE LSNIVFPKMF STGH 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

- 50 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GHHMHILDRF CTAQLEWVPV TWTGVQYTIC VQYRKPSAV ARELYSNLS AQANQVRKTA60
IWLEDFQETA VPVRGRRYLR GGRGTDIKQE GF 92

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

RGKRRRHRLP ALPPRLLSPS AATMSASAVF ILDVKGKPLI SRNYKGDVAM SKIEHFMPLL 60
VHGEEEGALA PLLSHGQVHF LWIKHSNLYL VATTSKNANA SLVYSFLYKT IEVFCEYFKE120
LEEEESIRDNF VIVYELLDL MDFGFPQTID SKILQEYITQ QSNKLETGKS RVPPTVTNAV180
SWRSEGIKYK KNEVFIIDVIE SVNLLVNANG SVLLSEIVGT IKLKVFLSGM PELRLGLNDR240
VLFEITGRSK NKSVELEDVK FHQCVRLSRF DNDRTISFIP PDGDFELMSY RLSTQVKPLI300
WIESVIEKFS HSRVEIMVKA KGQFKKQNSVA NGVEISVPVP SDADSPRFKT SVGSAKYVPE360
RNVVIWSIKS FPGGKEYLMR AHFGLPSVEK EEVEGRPIIG VKFEIPYFTV SGIQVRYMKI420
IEKSGYQGPA LGFRYIHPEW AITNFYRQLG RGEEMGGF 458

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

5 LVTKGNRPL WVNVAKPQGR ALVTTFLNDL HVSDLDPDG EVGDLKLDPD GGPALHLFLF 60
 HTGEAKVGSH QVLLAPRERL NTPNHDVSLR HILGAAHTGL ESGGVGIAGY RHRYLHTVGH120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

- 10 (A) LÄNGE: 246 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

GISNLTPMGG RPSTSSFSTL GRPKWARIKY SLPPGKDYL QITTFLSGTY LALPTLVNL 60
 GESASLGTTG DISTPLATDC FLNCPLALTM ISTRLWENFS MTDSIQISGL TWVLRRYDMS120
 SKSPSGGMKE MVRSLSKRES RTHWWNFTSS SSTDFLLRP VSSKSTRSLR PSRSSGIPDR180
 30 NTLSLMVPTI SLRRTLPLAL TSRLTDSMTS MKTSFFLYLI PSERQDTALV TVGGTRDLPV240
 SSLLLC 246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- 35 (A) LÄNGE: 275 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

MNTRLQVEHP VTEMITGTDL VEWQLRIAAG EKIPLSQEEI TLQGHAFEAR IYAEDPSNNF 60
 MPVAGPLVHL STPRADPSTR IETGVRQGDE VSVHYDPMIA KWVVWAADRO AALTKLRYSL120
 RQYNIVGLPT NIDFLLNLSG HPEFEAGNVH TDFIPQHHKQ LLLSRKAAAK ESLCQAALGL180
 55 ILKEKAMTDT FTLQAHQDQFS PFSSSSGRRRL NISYTRNMTL KDGKNNAIA VTYNHDGSYS240
 MQIEQKTFQV LGNLYSEGDC TYLKCSVNGV ASKAK 275

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

- 5 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

SEVIILENTI YLFSKEGSIE IDIPVPKYLS SVSSQETQGG PLAPMTGTIE KVFKAGDKV 60
KAGDSLVMVI AMKMEHTIKS PKDGTVKKF YREGAQANRH TPLVEFEEE SDKRESE 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

- 25 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

40 SLRFTSNSIN RTFQVSAVSL AVKITKDLES FIFNLHAIRP IMVIRYSYGY IVFTIFKSHV 60
SGIRDIQSSS TARRKWRELI MCLKSESVGH GFLLEDETQG CLA 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 45 (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

ADKMFLPLP AAGRVVVRRL AVRRFGSRSL STADMTKGLV LGIYSKEKED DVPQFTSAGE 60
 NFDKLLAGKL RETLNISGPP LKAGKTRTFY GLHQDFPSVV LVGLGKKAAG IDEQENWHEG120
 10 KENIRAAVAAC GCRQIQDLEL SSVEVDPCGD AQAAAEGAVL GLYEYDDLKQ KKKMAVSAKL180
 YGSGDQEAWQ KGVLFASGQE LGHANLMGDA SQLRLTPTRF CRNYLRRFSK LVVS 234

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- 15 (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

LPILKIFSNN FGKIWLASIC IGWRLPSNWR AQVLAQKQTG LLSARPPDPH FHRALPTQPS 60
 SFFALGHRIH RDQAPLPPQQ PERLHRDPPP QTRAPGLESQ CTPLQQQL 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- 35 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

CFLCLHASFP VRRFQLPFGR GQLAPRWGSP DADHKRFESS LPSEVVQICS KSLSAFQLTI60
 YQNSLLHL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

- (A) LÄNGE: Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
 RARTGSGKTA AYAIPMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVVL PTKELARQAQ SMIQQLATYC120
 ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMEKPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLRLDS LELLVVDEAD180
 LLFSLWL 187

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

25

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

DIGHSDIPST VGSQLLNHGL CLPCQLLGRN KNKASHCLFY HRTCR LPMEQ QLQHRNSISG60
 RLPGARAGPS QEVLPE 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

45

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

TGLCNISLSS ACTSSLKVAD MRKALLKSGG KVTRGRLLLEL FFKAKGKKEG QLRPPPQAPG 60
 SHEVSGCLAA SGLICEMGSL LPHLASPSAQ LSERLSLQQL RHWPLGHPEH SR 112

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

CHARLNTDSS RLAMKLLMVL MLAALLLHCY ADSGCKLLED MVEKTINSDI SIPEYKELLQ 60
 EFIDSDAAAEE AMGKFQCFQFL NQSHRTLKNF GLMMHTVYDS IWCNMKSN 108

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

LVEETLLEFP HSLCSGITVY ELLKKLFVFR YRYVGIDGLF NHVLQEFAAR ICIAVQEEGR60
 50 QHEDHQQLHG EAAAVCVQSC VA 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren

5 (vii) HYPOTHETISCH: ja

10 5 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

15 RSRGFSCVQT PCHFREVTA CVISLWQQVG GLPQGRRWPE MCFRSLTHHS LHTRREHHSW60
SILRMEI

67

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 449:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

25 (vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

35 PITPYTHDVN TPPGAFSEWR FEFHVAASHT QTCHHSPHTH SRHSTAMSQK KFLVSDLKVL60

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 450:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45

45 (vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

55 RATSGRSGFI KPSNLKQGTS FGSWLLNVVS CCVGNDGREV CEKLPHGIQI SILRMLQEWC60
SRRVCRE

67

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear
- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:
 LLFILHQMLS YTVCIIISPKF FRVLCDWLRLK HCLNFPPIASA AASLSMNS 48
- 20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:
 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:
 QAVGEKLSSR DSDLMEDRCE PHFSFSPKKV LLLSPFKQPV SLNFCGHGTD KDPVFS 56
- 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:
 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

IFVAMGQTRT PSSAELRKSP ATSLAIKLPQ SHPTRASEEW PLLAGNPLQW AS

52

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- 10 (A) LÄNGE: 243 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

WPKMSQDFSL VQLKTGSLSV PWPQKFRLTG CLKGDRSRTE LGEKEKGKQ RSSIRSESLL60
ESFSPTA

67

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- 30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

GSSWAEDFKC DISVPKTSLL FAQSCRSMYF LLQYVPIYKF ISHTYNRAHV CTCTRTHHS60
LSTR

64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

- 50 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

SGPLLPAKNR EVAGLKTLSV TFQFLKHHCY LLKVVGLCIS FSNTSPFISL FPIHTTVHMC60
ARAHAAHTHSQLV 74

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

20 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ARIQTPEQHS QVTLFDYNEE MKMGGYLKIG IPSALKVSKL LTCEQHRTPL LWSSFQLRML60
QFSKSIYYS 69

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 236 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

QLRGGVQRHD RREGEMVCVE LVASDKTNTF QGVIFQGSIR YEALKKVYDN RVSAARMAQ 60

KMSFGFYKYS NMEFVRM QGKGHAEMAV SRVSTGDTAP CGTEED SPMHERVTSF120
 SRPPTPERNN RPAFFSP RKVPRNRIA EKKSHSANDS EEFREDL ADLHNATNLR180
 SRSLSGTGRS LVGSWLKLNR ADGNFLLYAH LTYVTPLHR ILTDILEVRQ KPILMT 236

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- 10 (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

25 DEEVALGQRQ RGVLPGGRRW SRSAQCNQPA VSVPGHRTV PGRVLAEAEQ SRWKPLSLCT 60
 LNLRHVAAS DFNRHPGSSA EAHPDDLAAC GACAEPGP ALGVLPASYL STATGVCAGT120
 PVLEPQPGEA TRLPGPGPTA RTPAQTEVPL TGPAGAASAL C 161

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

- 30 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

45 VCIEKEVSIC SVQLQPGPDQ GPSCARQGPR PQVGICIVQIG STVVLPEELL AVVGRVRLH 60
 LSDPVPGHLP LEGWGEGRP VVPFWGGSA EGGHPLVHGR SWAGVLFSP GGCVTCRHS 120
 DRHLGVALAL GALHAKLHV AVLVEAKRHL LCHAGGHAHP VVIHLERLV ADGALKDDPL 180
 ERVGFVTSHQ LHTDHLSFP VMSLNTSSKL SIMKKMLG 218

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

- 55 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

15 YPQDPGGAS RRLDDLELC PGEKTAPVWA LSAEEEAAMH FSLAFFLHGS SVFLQITCCH 60
EFLCMRHSS CLYAEVPFIL SIGWWTGERG PRCPTSCASA VGGDRAPRHG GGGHLPHVWG120
GRRHPGTEGS LQR 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

20 :

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 :

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 :

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

RLPSVPGLR PPQTCGRCPPP PPCLGARSPP TALAHVGHL GPLSPVHQPI ERMKGTSAYR60
HDEICLMHKN S 71

40 :

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

45 :

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 :

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

5 RGLQHTDMMK YASCIKIHDN MLFAKKQTNH AGKMPGKSAW QLPPQHSGPT QERFSPQDTA60
 PSRPEASVMP LLAGPEGIRA PLLLTVDAAAT HSMQH 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- 10 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

25 QKKKMSFRKV NIIILVLAVA LFLLVLHHNF LSLSSLLRNE VTDGIVGPQ PIDFVPNALR 60
 HAVDGRQEEI PVVIAASEDR LGGAIAAIN\$ IQHNTRSNVI FYIVTNNTA DHLSWLNSD120
 SLKSIRYKIV NFDPKLLEGK VKEDPDQGES MKPLTFARFY LPILGSQRQR KARLHGVDV180
 ICGRWDFLPE TLQQ 194

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- 35 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

50 RFHGFPLVRI LLYFSFQKFR VKIDNFVSDA FQGITVEPGP EMVCCIVESN NVENHIGASV 60
 VLNAVYSCNG PPKPVRCSD DHRNLLSPI YCMSESIWDK VYRLRPYNS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- 55 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

NLAKVKGFMD SPWSGSSFTF PSKSLGSKLT ILYLMLFRES LLSQDRRWSA VLLRVTM 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 230 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

LPAATNRLKR GKGSSTGSSS GNHGGSGGGN GHKGCEKPG NEARGSGKSG IQGFRGQGV 60
 SNMREISKEG NRLLGGSGDN YRGQGSSWGS GGGDAVGGVN TVNSETSPGM FNFDFTFWKNF120
 KSKLGFINWD AINKNQVPPP STRALLYFSR LWEDFKQNTP FLNWKAIIEG ADASSLQKRA180
 GRAESELQLQ PACVSHCLWW EVLSQDPCKG GESHLLPRLP GCNLGLLAvg 230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

- (A) LÄNGE: 141 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

5 TRTRSRPPAP EPSSTSADSG RISNRTLSS TGKQLLRVRT RHHCRNVQAE PSQNYNNQH 60
 AYPTAYGGKY SVKTPAKGGS LTFFLGFPGA TWACQLQLGEV LVRQFLATNH RRRRKHHWVR120
 QGKLLPPLGP PALWQAPGPG L 141

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 15 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

30 RVRTLNNCFP VEERSVLFEI LPESAEEVEEG SGAGGRDLVL VYGIPVDETO LGFKILPESV 60
 VKKHPRRRLR VHSIDSTNSV TSSTAPARPL PPIIVSRASK EAIALFAYFP HVAGNSLSSE120
 ALNPRFPAPA GFIPWLFTPQ FMSISSAAAPT VVAGGGAGAG SLPPL 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 35 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 :
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

50 ERSHLQPGAV GITESPILGL GSAMTTEIGW WLTLFLRKKK STPKVLYEIP DTYAQTEGDA 60
 EPPRPDAGGP NSDFNTRLEK IVDKSTKGKH VKVSNSGREK EKKKVRATLA ENPNLFDDHE120
 EGRSSK 126

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKULTYP: ORF

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

YVLNTIIVGK GEEKIPHPLP RFGPCSFPLR VCDLPSAKVM AKTGTNRPNY HQSSLLQHPN 60
RVPGVSSVPSA PEGKVPGSLL PVLGGEELKFS VSASGSTETS PYHVVASGKCA LLRIGPGSSH120
R 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

40 TRVPLYVVRG RVEDPGISQA LQKWRHINTN LKNSHFLPAG INWPHSFSYQ QRQQRGKVLS60
OIWIIMAGSOE VLAPPSSALHE DDRPSS - 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

- 45
(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLARER SPRE

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

15

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

30

FVAMCSKQAS LNHGLLGLTL VFLGPLNRHR SGHGKGYIHY HHCRHDENDP SVPNQNANRQ 60
LQNQSRKCGI WKSLLERGGGR GELSRGRNRA VYAEELGTPSL RARGGR 106

106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264

35

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH; ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

50

VLRWYSSDPS IDTGRVMERD TSITTTVGMM KMIPVFPIRM QTDSFKISQE NVGSGSLSWK60
EFGAEGS

66

(2) INFORMATION ÜBER SEO ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 13 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

GCACFRPPSP AGGARTSAGR SPSSADVGSR TQSRSSRRRAA HSRCCVAFPS SFTPRSRRRP 60
KRRRRRREND PAASSIIPPAH LPCSVSOSAA GARLVLRPRA CGAQAQRP 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

GAPAFALLLQ REGRGLPRGG VRLVLTAAE PKVDRGGGLH IPVVALRFLP LSLRAHGGQQ 60
SGGDGGARTT RRPVLFLLRT CPARSVSRRP APGLCSDLAL AAPRPGRS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

IEAAGCTFPL LRCVSFLFHS ALTAAAKAAA TAARERPGGQ FSSSCAPALL GQSVGGRRPA 60
CAQTSRLRRP GPAAVASVWP ENLGAPAARA PRAEPRSGSR GGRRVSESEG WPGQVVAPRR120
WSPSKGSVWP TRSTARTSPS AATSPRPREM PPKRRRL 157

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- (A) LÄNGE: 156 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

SSAQGEEPGP GRRLLRAPTE SRSEGKSMFA GVPTMRESSP KQYMQLGGRV LLVLMFMTLL 60
HFDASFFSIV QNIVGTALMI LVAIGFKTKL AALTGVVWLF AINVYFNAFW TIPVYKPMHD120
FLKYDFFQTM SVIGGLLKVV ALGPVGVSMD EKKKEW 156

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

LGACSWWWPW ALGVSPWMRR RRSGNSHRSL PAWLRPVAVK DWFGVDSTKL PAFMYPLPFP 60
SLGKGTDVLR TLFAETPENR WLSLLWSHSL ASDPSVQASL AAGSLPHAEA LE 112

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

- 5 (A) LÄNGE: Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

SQRVCKYSPG SLLPYPRILV RSSNGFRWTWV LFSCDHSSAH CMKTGLSQCF NLTRAVSWST 60
 PRSLLVPYDPS PHQMTLAKSR FLCGQGWLAD WWKVGWTKG HGSSQHQFCT SSASVLVGVP120
 VSPGPGWARA 130

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

- 25 (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

GTSGTSHLHP RSICMIQKYN HDGEAGRLEA FSQGESVLKE PKYQEELEDR LHFYVEECDY 60
 LQGFQILCDL HDGFSVGAK AAELLQDEYS GRGIITWGLL PGPYHRGEAQ RNIYRLLNTA120
 FGLVHLTAHS SLVCPLSLGG SLGLRPEPPV SFPLYLHYDAT LPFHCSAILA TALDTVTVPY180
 RLCSSPVSMV HLADMLSFCG KKVVTAGAIIF PFPPLAPGQSL PDSLMQFGGA TPWTPLCACG240
 EPSGTRCFQAQ SVVLRGYRQS MPHKPQT 267

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- 50 (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

QVARVAGPGS HPRTRGRQES CEQSGARDQK LCLIDDRCSFS GPPHDGRDQV AGPRLLFPA 60
10 NIHLVAALPP SRLPQRSHRA GHTGSGSPAS SHIPPRRNAA CPPALPGTWV PLGHFPLG 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

15

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

30

LGKATCSRRL PTCTQWGPWG GSSKLHQGIR KGLAWSQGER DDCSCCHHLF PTEAQHVSQM 60
NHGNWRGTQA IRNSDCVQGC SQDGTAVEGQ SGIIIMQVREA DRWLGSQAQA PTQQGQGADKR120
AVSSQVHETK SCV 133

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 40
- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

55

PQAWRRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60
ASAGRSPVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLED P ILGATLPAGP ICRCAVGLVP120
RHCH 124

(2) INFORMATION: 3ER SEQ ID NO: 275:

- 5 (A) LÄNGE: 426 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

GSSRRHGGGY AAVALLVLLL LGPGGWCLAE PPRDSLREEL VITPLPSGDV AATFQFRTRW 60
 DSELQREGVS HYRLFPKALG QLISKYSLRE LHLSFTQGFW RTRYWGPPFL QAPSGAELWV120
 WFQDTVTDVD KSWKELSNSVL SGIFCASLNF IDSTNTVTPT ASFKPLGLAN DTDHYFLRYA180
 VLPREVVCTE NLTPWKLLP CSSKAGLSVL LKADRLFHSTS YHSQAVHIRP VCRNARCTSI240
 SWELRQTLSV VFDAFITGQG KKDWSLFRMF SRTLTEPCPL ASESRVYVDI TTYNQDNETL300
 EVHPPPTTY QDVILGTRKT YAIYDLDDTA MINNSRNLNQI QLKWKRPEN EAPPVPFLHA360
 QRYVSGYGLQ KGELSTLLYN THPYRAFPVL LLDTVPWYLR LLHPLPACPG PAATPPPGDA420
 DSAAGQ 426

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

- 30 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

45 SPSILYGSCT CHSHKAFFGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60
SSAPLSTSST PPTQSLPLPP SNPWVWPMTL TTTFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120
PROASLCC 128

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

- 55 (A) LÄNGE: 481 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

AQDTGGPGRQ SGHGGDLQIP ISLFLRLNNT QHWRPGRKV MAVVPASLSG QDVGSFAYLT 60
 IKDRIPQILT KVIDTLHRHK SEFFEKGHEE GVEAEKK AIS LLSKLRNELQ TDKPFIPLVE120
 KFVDTTDIWNQ YLEYQQSLLN ESDGKSRWFY SPWLLVECYM YRRIHEAIQ SPPIDYFDVF180
 KESKEQNFYG SQESIIALCT HLQQLIRTIE DLDENLQKDE FFKLLQISLW GNKCDLSLSG240
 GESSSQNTNV LNSLEDLKP E ILLNDMEHLW SLLSNCKKTR EKASATRVYI VLDNSGFELV300
 TDLILADFLL SSELADEVHF YGKTIPWFVS DTTIHDFNWL IEQVKHSNHK WMSKCGADWE360
 EYIKMGKWVY HNHIFWTLPH EYCCAMPQVAP DLYAELQKAH LILFKGDLNY RKLTGDRKWE420
 FSVPFHQALN GFHPAPLCTI RTLKAEIQVG LQPGQGEQLL ASEPSWWTTG KYGIFQYDGP480
 L 481

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FHISVSTNFS TKINGL SVC NSFRNLERRE IAFFSASTPS SPCFSKN SLL CRCNVSITLV 60
 KICGILSLIV RYANDPTSCP ERDAGTTAIT FRDPGRQCWV FNRRRNREIG ICKSPPCPDC120
 RPGPPVSC 128

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

ELLNQVKGDH RTEIFHIFQW STSWAQRPG A VPLAQAAADQP EFQLLMFLWY RVVQDGSHSE60
 PDEMEQKTPI FCHLSTSCNS NHP 83

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:
 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- 15 (A) LÄNGE: 168 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

30 FYDRRDCFVA VSFLRGLSLW LHFYLWWLCY GGAEMRQKRK GDLSPAELMM LTIGDVIKQL 60
 IEAHEQGKDI DLNKVKTAKYGLSAQPR LVDIRIAAVPP QYRKVLMPKL KAKPIRTASG120
 IAVVAVMCKP HRCPHISFTG NICVYCPGGP DSDFEYSTQS YTGYEQPPP 168

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- 35 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

GGTAAMISTR RGWAERP YLA AVL VFTLFRS MSFP PCSWASI SCLITSP IVS IISSAGL RSP60
 FRF CLIS APP 70

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- 5
(A) LÄNGE: 7 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

IDVFPLLGVF NQLFNNISYS QHHQLSRAEI SFPLLPHFCA AVAEPPPEIKM QPQTQTTEKA60
DSHKTIPIVVV K 71

25
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

KPRQLPNMAF LPSPAWWISL LAVPPQYRKV LMPKLAKAKPI RTASGIAVVA VMCKPHRCPH 60
ISFTGNICVY CPGWDLILIL SIPPSLTGLY EPTSMRSYSV PDMDPFPYRT RTPD 114

45
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

5 WVSPLTWASR PCDTEEGRQA MISTRRGWAE RPYLAALVF TLFRSMSFPC SWASISCLIT 60
 SPIVSISSA GLRSPDYGGF TTRPGSNILG SRVGHYTHQT MEDSPPDQEA TAWAPELATP120
 PCTDEDR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- 10 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

PHTTNPTCFK LFLIRCPCPV RKRVHIWHGI APHGGWLIAQ CKTGWNTQNQ NQVPPRAVYT60
 YISCKTDVWT SVGFAHHSHD SNPTSSSDGF RL 92

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

DLSRPGGTRF VLTIQQTFFS KVVFQDNFKN NIKINNGDF SLKIEKKGVG GGVNHWPFFF60
 WRGPIGIVRP WGSGLS 76

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

- 55 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

15 RTFVLFYHRL TLQLLINTSF GDVWCKTHKH TQKSTSPLHD PSLLSGTISA ASCTLLGPPP60
IHRGFRGTQI TAGFQFFFNN TFLWSVPTAL SVLLKLE 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ILHLEMYGVK HTNTHKKQAQ RCMTRLSFLG LFLLRPAPSW AHLRFTEVSG GPKSLLVFNF60
FLTIHFCGQF QQHCPYF 77

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

45

- (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

ILIDGVRAAF IPYREYNGAR LSRDFISA

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

- 5 (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
10 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

HQFHNYFNLL GFIHLIILKF HQQWGTEK

28

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

- 25 (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
30 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

APGPQAILII NLNRWGSCL HPIQRIQWC

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

- 45 (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren
50 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

10 AEIKSLLSLA PLYSLYGMKA ALTPSIKIYY

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- 15 (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

30 AMKVLSFLLC IRISFLFVVE SIVRGISKLN EVN

33

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 35 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

50 AINKVSSGYG PLALLGFSVS VEAAQRISLN FSQKWLLT

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

FTSFNLLIPR TILSTTNRNE ILIHKRKLKT FIAYVGLSNK

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VNLLKYGQIH LAVKQLNIHC YLIKVFVSVL PGPNIKTTSV QKINVQRACV SLFWYVHFKK60
TPLSSLANQE Y

71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

- 40 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

RFYLYFILSR GTNSRHTFAR PSCRKTQSRK GKNKIAIKYM VLGAGRTRNP QGDQFLARSF60
FRVYPVE 67

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- 10 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

25 KNLEFFSPST SYLLQNSSE GFIYILSYPE GPTAGIPLPG LLAERHRAVK AKIKLQ 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- 30 (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

45 TPNSRGAGR VRG SARGVGR SCASWLPVGR RCRTSETGSG ASRRSRAIGS PPPSPCPWSA 60
 NSASSARPTS SSGPKPSFIA FRFGGQSLPP FISLWVQELD FFIWSIYISY ISILRDLKQE120
 LLMGGQQTIY SCSSLTGFAS 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- 50 (A) LÄNGE: 279 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

QSRSRPRREG VGTGSRAVLC ILATCGSKMS DIGDWFRSIP AITRYWFAAT VAVPLVGKLG 60
 LISPAYLF LW PEAFLYRFQI WRPIATTFYF PVGPGTGFLY LVNLYFLYQY STRLETGAFD120
 GRPADYLEM L FNWICIVIT GLAMDMQLLM IPLIMS VLYV WAQLNRDMIV SFWF GTRFKA180
 CYLPWVILGF NYIIGGSVIN ELIGNLVGHL YFFLMFRYPM DLGGRNFLST PQFLYRWLPS240
 RGGVSGFGV PPASMRRAAD QNGGGGRHNW GQGFRLGDQ 279

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

IDQIKKSSSW THREIKGGSD WPPNLKAIKE GFGPEEVGR ADEAEFADQG HG DGGGEPIA 60
 RDRRDAPEPV SDVRHLRPTG SQDAQDRPTP RADPLTTRPA PRLLGV 106

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

- (A) LÄNGE: 207 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

LEPLEPNRLE LKKGYLTLS D SGDKVAVEWD KDHGVLESHL AEKGRGMELS DLIVFNGKLY 60
 5 SVDDRTGVVY QIEGSKAVPW VILSDGDGTW EKGFKAEWLA VKDERLYVGG LGKEWTTTG120
 DVVNENPEWV KVVGYKGSVD HENWVSNYNA LRRAAGIQPP GNLIHESACW SDTLQRWF180
 PRRASQERYS EEGRRAQGRQ PAAERLP 207

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 10 (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

19 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

RWWATRAAWT TRTCPTTTP CGLLPASSRQ VTSSMSLPAG VTRCSAGSSC RAAPARSATA 60
 RKDDERKGAN LLLSASPDEG DIAVSHVGAV VPTHGFSSFK FIPNTDDQII VALKSEEDSG120
 RVASYIMAFD LDGRFLLPET KIGSVKYEGI EFI 153

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 35 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

39 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VGTTAPTWLT AMSPKSGEAL SSRLAPLRSS SFLAVALLAG AARQEEPALQ RVTAGRLMD 60
 50 EVTWRLDAGS SPQGVVVGHV VLVVHAALVA HHLHPLRVLV HHITRSGRPL LAQAAHVQTL120
 VLHCQPFGLE AFLHGAVAVG QNHPGHGFAA FDLVDDPRPV IHGVEFPIEN NQVG 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 55 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren

- 5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

IHQTAFSQMA NEAHFSLIPP GTSASSVFWR IQILTTSVIP SMRIPTVLSS KEHFAKLFYH 60
 RSFLKVFNFF FQSGFQHLM CFFIIMHRIW PRDRFCVFIW NVHRRVVAYY CPAIRSQSKL120
 YVAIIIVIWI 128

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- 15 (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

30 SRSKMAALRA LCGFRGVAAQ VLRLPGAGVRL PIQPSRGVRQ WQPDVEWAQQ FGGAVMYP SK 60
 EТАHWKPPPW NDVDPKDTI VKNITLNFGP QHAAHGVL RVMELSGEMV RKCDPHIGLL120
 HRGTEKLIEY KTYLQALPYF DRLDYVSMMC NEQAYS LAVE KLLNIRPPR AQWIRVLFGE180
 ITRLLNHIMA VTTHALDLGA MTPFFWLFE REKMEEFYER VSGARMHAAY IRPGGVHQDL240
 PLGLMDDIYQ FSKNFSLR LD ELEELLTNR IWRNRTIDIG VVTAEELNY GFSGVMLRGS300
 GIQWDLRK TQ PYDVYDQVEF DVPVGSRGDC YDRYLCRVEE MRQ\$LRIAQ CLNKMPGEI360
 35 KVDDAKVSPP KRAEMKTSME SLIHHFKLYT EGYQVPPGAT YTAIEAPKGE FGVLVSDGS420
 SRPYRCKIKA PGFAHLAGLD KMSKGHMLAD VVAIIGTQDI VFGEVDR 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- 45 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

QPSVHEHTHT HTHTA ...QR PISSEEQAPQ KKLIGRGDQT LLPC¹ /FS KYNILGTYDG 60
 NDICQHVSRL HLVTSQMGK TRSLDLASIR AAAAIRHQVH PKLSLGSLNG SICGSWRNLV120
 ALSIQLKVMN Q 131

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- 10 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SQDTMRCWVL GPKVQGNVLH NCVLWRVHII PRWRLPVGCF FAWVHNSSPK LLCPFHIWLP 60
 LPNTSAGLNR QSDSSPRPQH LGRDAPEAAQ SPQRRHLTPA 100

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

- 30 (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

RRLRGGEPEST DRRRDPESERT PAPPPTPRAM DPKDRKKIQF SVPAPPSQLD PRQVEMIRRR 60
 RPTPAMLFRRL SEHSSPEEEA SPHQRASGEG HHLKSKRPNP CAYTPPSLKA VQRIAESHQ120
 SISNLNENQA SEEEDELGEL RELGYPREED EEEEEEDAARL KS 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

- 50 (A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

VSLGRNLSAL PPLSLAHRHP ACISQEEVEG TSLFPRNPLY PHPVLCSSPR LLGLRLLTSR 60
RLRLVCVCLF AHLWLIPREP GHLLPDAHPC QSFLHSPSGR WDVRQPTLEN PENREQFAL120
HNSTPQILSP GHRRPTGQDP KIWGKEVLRT LRYP 154

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

:

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

AQGLGLFDLR WCPSPEALWW GEASSSGEEC SESRNSMAGV GLLRIISTW RGSSWLGGAG 60
TENWIFLRSI GSMARGVGAG AGVRDGSRR RSVLGSPPRR R 101

:

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

:

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

:

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

SDRWTCSPL GARMSRFPA VAGRPRRQE EGERSRDLQE ERLSAVCIAD REEKGCTSQE 60

GGTTPTFPIQ KQRKELAV RDNSFLIVTG NTGSGKTTQL PKYL SFS QHGMIGVTQP120
RKVAAISVAQ RVAEEMKCTL GSKVGYQVRF DDCSSKETAI KY 162

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- 10 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

30 QIGGRARLHS GPGLCPGFPQ SRAGRQGGRR RVSGQETSRK SGSRLFASPI EKRKDARPRR60
EELLQLFLFR NKEKRLFKL 79

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- 40 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

60 IGKVGVVPPS WDVFHFSSLS AMQTAESRSS WRSLDRSPSS CRLGALPATA GNRDIDLAPS60
GGEHVHRSE 69

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- 70 (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

75 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (ii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

10 AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAAFYQK120
GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKHFL60
KRKGMSFPLF DKKQPVMKSG AQERWVSHLE AFRTQL 96

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

TCEPFRNPQV GKDPPTSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
55 RDLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

- 10 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

IRKREQGRSS PAPWESVFA S VPFRGDDGIF DDNFIEERKQ GLEQFINKVA GHPLAQNERC60
LHMFLQDEII DKSYTPSKIR HA 82

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- 30 (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

RASPCPHGGQ QRRRRRLNAE GAEGARGGGS SYSEMAETVA DTRRLITKPQ NLNDAYGPPS 60
45 NFLEIDVSNP QTGVGVRGRF TTYEIRVKTN LPIFKLKEST VRRRYSDFEW LRSELERESK120
VVVPPLPGKA FLRQFILLEEM MEYLMTILLR KENKGWSSL 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

OTHETISCH: ja

5 HERKUNFT:

) ORGANISMUS: MENSCH

10 SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

?FKVTV SSSNSRFFQL ENRKICLDPD FVSGEAAPAD PHRLRVAHID LEEVAGGSVG 60
LRLGDQ PPGVSHGLRH FAVAAAAAAG SLRPLRVQPP PPPLLPAVGT RARA 114

15 INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

- (A) LÄNGE: 374 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

) ORGANISMUS: MENSCH

30 SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

RRAQESPILGR QSHLPRIYQA FLMSATFNEQ VQALKELILH NPVTLKLQES QLPGPDQLQQ 60
FQVVCETEED KFLLLYALLK LSLIRGKSLL FVNTLERSYR LRLFLEQFSI PTCVLNGELP120
LRSRCHIISQ FNQGFYDCVI ATDAEVLGAP VKGKRRGRGP KGDKASDPEA GVARGIDFH180
VSAVLNFDP PTPEAYIHRA GRTARANNPG IVLTFVLPTE QFHLGKIEEL LSGENRGPI240
LPYQFRMEEI EGFRYRCRDA MRSVTKQAIR EARLKEIKEE LLHSEKLKY FEDNPRDLQL300
LRHDPLHPA VVKPHLGHPV DYLVPALRG LVRPHKKRKK LSSSCRKAKR AKSQNPLRSF360
KHKGKKFRPT AKPS 374

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

- (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:
5 QRVRAALLSS AMEDSEALGF EHMGLDPRLL QAVTDLGWSR PTLIQEKAIP LALEGKDLLA 60
RARTGSGKTA AYAIPLMLQLL LHRKATGPVV EQAVRGLVLV PTKEALARQAQ SMIQQLATYC120
ARDVRVANVS AAEDSVSQRA VLMKEPDVVV GTPSRILSHL QQDSLKLRLDS LELVVVDEAD180
EESEGEFFFFE LKSIIWEGRV FCPGETRILS CQLLIRTYKN HSRS 224

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

- 10 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

FFFFFFFEG AAKIFILLSR GKMPAWKCGQ AKGPSTAGPR TVCSGCAVST RASPVHEGCK 60
PVIHNVLSSR FAOOPOEGLA VGLNFPCLL KLRSGEWDEA LLAFLQEEDS FFRFL 115

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

- 35 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

YLQCQRSLCG AKCVTWAVET RHLLSPALMT LRKEDVIQGK FLIPKLPVHV NRTSFYSSRC60
TGGIAR 66

50 (c) INFORMATION LÜBER SEO ID NO: 327:

- ss (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

15 FRSCLFMLTG LLFIRQDV LV PWHLKGNPDK GKPVEPFGPI GSQDPSPV FH RYYHVFREGE 60
LEGACRTVSD VRILQSYYDQ GNWCVILQKA 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

35 SGLLKNHTPV SLIVVALQNS DITHSPAGTF QFSLTEHMVV TMKHRTWVLG SYGTKWLNR 60
AFIRISLKVP GNQYILTNKK KSC 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

40

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

5 ERRSKSREER EKERERERE RERKRRREEE EREKERARDR ERRKRSRS RHSSRTSDRR 60
 CSRSRDHKRS RSRERRRSRS RDERRRSRHD RSERKRSRS RDERRSKSRD RKSYKHRSKS120
 RDREQDRKS K EKEKRGSDDK KSSVKSGSRE KQSEDTNTES KESDTKNEVN GTSEDIKSEG180
 DTQSN 185

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

- 15 (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

YHPSIQCLC LHSALDYRT SHYFFYHQIP SFLSPWIFYL VLCPDFCSA YMTFDPGFLI 60
 FFDPDFEICV FFLIDHGFCE FVDLYFCASF FLYFVTFCGP ETCCIFCLMF GLSVYFVNDF120
 SFFFLLCHEPF LFLFLPLPFV FSFLFLPFLS PVLSLSLLCS CFSFLRRSSR IRLFGSSP 178

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

- 45 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VSPSDLSSL VPLTSFLVSL SFDSVFVSSL CFSRLPDFL LFLSSDPLFS FSLDFLSCSL 60
 SRLLLLCLYD FRSRLFDLLR SRLRDLCFLS DRSLWLRLRR SLLLLRLLSL LRDLWSRDL120
 LHLLSDVRLE CLLRERLLFL LSLSRALSF S LSSSLRLFL SLSSLSLSRS FSLSSLLLLL180
 LS 182

70 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:
GFGMQLVILR VTIFLPWCFA VPVPPAADHK GWDFVEGYFH QFFLTEKEESP LLTQETQTQL60
LQQFHRNGTD LLDMQMHSASA TAAPLWGA 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:
PRRSRHSLPR RHKHSSCNNS IGMGQTYLTC RCMLLLQQPH CGVPDGSDNC ISPGRCKWIK60
H 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

5 STCIFLARCS CRTHQAPHSG AAVAEACICM SSRSPFRWN CCRSCVCVSW VRSGDSFSVR60
KN 62

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

VCPIPMELLQ ELCLCLLGKE WRLLLLQEKL MEIALNKVPS FMVCSRGHWN GETPGQEDSN60
S 61

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

- 35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

50 AEDTIQKRNS QFETVTTPAP NCGDEERKQW LWFLSEGRLR TERSNHQGHR FWKSSRGGL60
EEQ 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

55 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

KGWRSDFTVG GRQRDGQHVQ TGSFFSISLL SKSRTAQWLC QGGSSSYSHF SGSLKSTRYY60
RGSRS 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

SCGDVEQKIQ FKRETASLKL LPHQPRIVEM KKGSNGYGFY LRAGSEQKGQ IIKDIDSGSP 60
AEEAGLKNNND LVVAVNGESV ETLDHDSVVE MIRKGGDQTS LLVVVDKETDN MYRLAHFSPF120
LYYQSQELPN GSVKEAPAPT PTSLEVSSPP DTTEEVDHKP KLCLRLAKGEN GYGFHLNAIR180
GLPGSFIKEV QKGGPADLAG LEDEDVIIEV NGVNVLDEPY EKVVDRIQSS GKNVTLLVCG240
KKAYDYFQA 249

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

45 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

ITGVQPEHIQ YLKNYFHLWT RQLAHIIYHYY IHGPKGNEIR TSKEVEPFNN IDIEISMFEK60
GKVPKIV 67

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

- 15 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

RIFITTIFMA QKEMKYEHQK KLNLSТИLIL KFLCLKKGRY LRLS 44

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

- 40 (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

KVQLLLMFVF HFLLGHEYSS DKYALTVVSK GGNNFSSTVC VLVVPL 46

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

GRWRRRLRHG RGSAAVGPT AMAELLQEEL SVLAAIFCRP HEWEVLSRSE TDGTVFRIHT 60
 KAEGFMDADI PLELVFHLPV NYPSCLPGIS INSEQLTRAQ CVTVKEKILLE QAESLLSEPM120
 VHELVLWIQQ NLRHILSQPE TGSGSEKCTF STSTMDDGL WITLLHLDHM RAKTKYVKIV180
 EKWASDLRLT GRLMFMGKII LDFTTGRQKQ PQGVLDSSEN LQSRCGLWKW EMQREND 237

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

YLILLQGDRN NLKVYLILQK TSKVDVDSSG KKCKEKMISV LFETKVQTEH KRFLAFEVKE60
 YSALDELQKE FETAGLKLF SEFVLALVK 89

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

- 45 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

PPLPKSNAKTT KNTAILLKDS CLPFHFTTRAS TNSEKSFLSP AVSNSTCNSS NAEYSLTENA60
 RNLLCSVCTF VSNSTLIIIFS LHFFPLESTS TLEVF 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:
 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 15 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

RAGLFPGRRV GLEAENGPCQ HQHGDEVPCP VLSARMSQPE AEEAALVAHA VGHDCVCSSG60
 30 GVLLPHHRRN NL 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

- 35 (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

50 GRACFRGGAW GLRPRTALAA TNMETLYRVP FLVLECPNLK LKKPPWLHMP SAMTVYALVV 60
 VSYFLITGGI IYDVIVEPPS VGSMTDEHGH QRPAFLAYR VNGQYIMEGL ASSFLFTMGG120
 LGFIILDRSN APNIPKLNRF LLLFIGFVCV LLSFFEMARVF MRMKLPGYLM G 171

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

EAGCKSFHNI LSIYSVGQES YWPLMPMFIS HRTDTWRFNN NIINYSSGDE EVRHHHQSIH60
SHGRRHVOPG RLLOLOVGT^F EH 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

HKVIVVWNNI GEKAPDELWN SLGPHPIPVI FKQQQTANRMR NRLQVFPELE TNAVLMVDDD 60
TLISTPDLVF AFSVWQQFPD QIVGICFLES TSFTFIQGIY SYW 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGAN: US: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

ESKNKVGAD ECVIYHQHC IGFQFRKDLE SISHPVCCLL FEDHRDRVGP

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

- 10 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

SGNCCQTEKA KTRSGVILMSV SSSTINTALV SSSGKTWSRF LILFAVCCLK ITGIGWGPRE60
FHNSSGAFSP ILFHTTITL

79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

- 30 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

GTLRHSVHVV PPKGHHKVL SSGVCSRLLG IQREGRNQEF QKHIHVATPA TSGILCSDLK60
HGWEVFFLAR

70

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

15 HLIPFMAKSS FRVGNTQTFC ACCSPKAWS QSPEFWCVLP PPGYTERRQE SGVPEAYTCG60
YPSNKRHPVL R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 :

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

35 SGQCGMQLGP DQPSSEQMAV VPISTKPQRA RKNTSQPCSL SEHRMPLVAG VATCICFWNS60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 :

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

GLPARRPQCF LRAEMANSGL QLLGFSMALL GWVGLVACTA IPQWQMSSYA GDNIITAQAM 60
 YKGLWMDCVT QSTGMMSCKM YDSVLALSAA LQATRALMVV SLVLGFLAME VATMGMKCTR120
 CGGDDKVKA RIAMGGGIIF IVAGLALVA CSWYGHQIVT DFYNPLIPTN IKYEFGPAlF180
 IIGWAGSALVI LGGALLSCSC PGNESKAGYR APRSYPKSNS SKEYV 225

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

10

15

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

QHHHGPGHVQ GAVDGLRHAE HGDELQNVR LGARPVRGLA GHSSPNGLP GAGLPGVCG 60
 HDGHEVHALW GRRSEEGPY SHGWRHNFHR GRSCRLGSLL LVWPSDCHRL L 111

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

CCHPHRSSSA TAGWRCRPPD PPPSPAGPWRS PATAGPNWPF PPSENTGGAG RGDPTVKQT 60
 LGGQPHKRKL EVEFSGHPKR QKGFGPGECK SCHQTTHKST PPVKRWPRGT GSIRREGGS120
 RQNWWSPKAR RFPPGALGDP LSPPASRLLT GVGP 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

50

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: F

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 :

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

NLTQVTEFLFF CPPNVHASYR LHFEALMNIP VLVLVDNDF AEEVTQEDL MREVGRTLTP60
VFLVVSLWLY LL 72

20 :

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 358:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 :

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

SPSHLSHEVF LGFYFLSKII IDIQHQHWNV HQSLKVEPIR SVNVWGTEKK KCNLSQVSHT60
RQVLLREQI 69

40 :

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

(A) LÄNGE: 53 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 :

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 :

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

RYNQRETTTR KTGVKVLPTS LMRSSCLVTS SAKSSLTSNT STGMFIRASK WSL

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- 5 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

SCWETKWTSC PRMLLATGRG CGSDCGRTVP APGSCWPLAP RATAPRQGRA TGRGESESAE 60
LVPHSQGRA ADQRQDRLWS GRVDLCPSAL LALPWGRLLS GRHQRRQIHS L 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

- 25 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

TRNGSVFGCY RPHRFPAKGS VSLVYSRGFQ HPPCAYHLLG QGRRSVSEAC RSYVTPDSNG 60
WKRTNGQDFL LLLLKTLMVK RKDWGQPGSS GPTSKFPLQV ILCQALFKK 109

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

- 50 (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

10 GPARRPAARL ARAGGPQAAD RAKQSGPPA PGCSWLPAEA AGATVGLCP RRAPAGPWHQ 60
 GPQRPVKDEP QDGENPNPPN WSRTVVRDVR LISAKTGYGV EELISALQRS WRYRGDVYLV120
 GATNAGKSTL FNTLLESODYC TAKGSEAIADR ATISPWPGTT LNLLKFPICN PTPYRMFKRH180
 QRLKKDSTQA EEDLSEQEQN QLNVLKKHG YVGRVGRTE YSEEQKDNIPEFEDADSLAF240
 15 DMENDPVMGT HKSTKQVELT AQDVVKDAHWY YDTPGITKEN CILNLLTEKE VNIVLPTQSI300
 VPRTFVLKPG MVLFLGAIGR IDFLQGNQSA WFTVVASNIL PVHITSLDRA DALYQKHAGH360
 TLLQIPMGGK ERMGRISSSC C 381

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- 20 (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

QPSTTCTSVL VCLLSAMPLP VALQTRLAKR GILKHLEPEP EEEIIAEDYD DDPVDYEATR 60
 LEGLPPSWYK VFDPSCGLPY YWNADTDLVS WLSPHDPSV VTSAKKLRS SNADAEEKLD120
 RSHDKSDRGH DKSDRSHEKL DRGHDKSDRG HDKSDRDRER GYDKSRNGIR DRGYDQADRE180
 EG 182.

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

- 45 (A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

RRHERDGRCD SLPLPARVYW SVCYQLCRCP LRCRPAWPRESSNIWSLNQ RKRSLPRTMT 60
MILWTTTRPPG WRAYHQAGTR CSTLPAGSLT TGMQTQTLYP GSPHMTPTPW LPNRPRSSSEA120
VMQMLKKSWT GAMTSRTGAM TSRTAACMRN 149

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

PRSRSLSDLS WPRSDLWSPL SSFSWLRSDSL SWPLSDLSWL RSNFSSASAL LLLSFLADLV60
TTELGSCGES QDTRSVAFAQ 80

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

- (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

VAQQPALIHG YRKAVLTPNH VEFSRLYDAV LRGPMDSDS HGSVLRLSQA LGNVTVVQKG 60
50 ERDILSNGQQ VLVCSEQGSS RRCGGQGDLL SGSLGVLVHW ALLAGPQKTN GSSPLLVAAF120
GACSLTRQCN HQAFQKHGRS TTTSDMIAEV GAAFSKLFET 160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

55 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

ILNGNQFMLK LKIWQAPYAF STRVGPDFPI THTLSPVQGA CLLLVCAGSG FKELAEGGPH 60
 LGDHVGGGGG ATVLLEGGLVV ALPGERAGAK RGHQERAGPI CFLWSSKERP VYQDAQGARQ120
 EVPLPSTPAA AAFLAAHKHL LAVGEDVALS FLDHRHVQAQG LAES 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 25 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

KSGKHRTPSA HAWVRIFPSH TRSPPSKVPV YFWSARAQVS KSLLKAAPTS AIMSEVVVER 60
 PCFWKAWWLH CLVREQAPNA ATRRGGLDPFV FCGPARSAQC TRTPREPDRR SPCPPHLRL120
 PSWLHTSTCW PLERMSRSPF WTTVTLPRAW LSLSTDPWLS SLSIGPLSTA SYSSLNSTWL180
 GVSTAFR 187

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

LELEFTNHND S GKPGCKHQHC HQLRICDQEC HLTVTGRRQK

40

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

- (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

QAEDKSETGL MRITGKLALA POPENELFHSL ADHP

34

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

65 NSSFSGGAKA SFPVIRISPV SLLSSACYRE MALLITDP

38

70 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

75 (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

RQLFGIVSIA TLTVLAYERY IRVVHARVIN FSWAWRAITY IWLYSLAWAG APLLGWNRYI 60
LDVHGLGCTV DWKSKDANDS SFVLFLFLGC LVVPLGVIAH CYGHILYFHS NASLVWKIFR120
QFK 123

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
25 (C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

40 TVHSRGPCQS DQFFLGLEGH YLHLALLTGV GRSTSPGMEQ VHPGRTRTRL HCGLEIQGCQ 60
RFLLCAFLIS WLPGGAPGCH SPPLLWPYSIF PFECFVGVED LQTIQVIKIL KYEKKLAKMC120
F 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

- 45 (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

HPGAPPGSQE IRKAQRRNRW HPWISSPQCS LVRVRPGCTC SIPGEVLLPT PVSARCR 58

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

AFTCDFVPLC GLLEQWTTKS AMQFIKVDLV ICHPTAYGPC KPVLEANIL

49

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

FCTTLWPAGA MDNQVSYAVH KSGPGYMSNN SIWSLQACFG SQYSITYRNP LESDVFGSNI 60
 FSQGSNGL 68

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

HITRSTFMNC IADLVVHCSR RPQSGTKSQV KAQTAPVILV VSLHSSPLA KTGLNMKSPA60
 PRPQ 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
 VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLIP120
 TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PLIS 144

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

- 45 (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

5 YEIQSLPFPS FSSAKLSLLW HSPVFTQMTM PSVQNGGECL RAYVSVTLEQ VAQWHDEQGH 60
 NGLWYVMQVV SQLDPRTSE FTAAFVGRLV STLISKAGRE LGENLDQILR AILSKMQQAE120
 TLSVMQSLIM VFAHLVHTQL EPLLEFLCSL PGPTGKPALE FVMAEWTSRQ HLFYGQYEGK180
 VSSVALCKLL QHGINADDKR LQDIRVKGEE IYSMDEGIRT RSNSAKNPER WTNIPLLVKI240
 LKLIINELSN VMGG 254

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 15 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

SLSGPNAMEA DSHSGQHNAG PSRQDSCRAL CDTIDILTTV VRNTKPPLSQ LLICQAFPAV60
 AQCTLHTDDN AISAEWRRVL AGLCVSDPGT SSPVA 95

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3821:

- (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
- 35 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

50 APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLPQ FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLMETLCI 60
 VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLIP120
 TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT PIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180
 MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTEFT AAFVGRLCFH240
 PHLQGRAGTR GESRPDFFPV SFS 263

(2) INFORMATION UBER SEQ ID NO: 383:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

· (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

TLRCGGPGAG SPLASHTTVH CGPAHHATGL LVPGSLTHR P ASTLRHSAWW HCHLCEGYTV60
PQQGKLG R 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

40 HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGR L CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60
LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSO 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLE CROWN SP.

(iii) HYPOTHESES

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

TRSSSPQTIT FDACVVIPCG DLQSQKQLSD SEKYLCPFKI KGSPYQDPCS LTNAGKQVCH 60	
SWNEVVWTTE YQGWTSSSTGG CMSLKPYIHF TKESTPHNCQ YNQCNPVQIS ILIPTSTDPK120	
PTLSCGIWHG SRNSRGTSYW	140

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

15

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

40

DVPLLFRRLPC HIPQLKVGLG SVEVGMRIEI CTGLHWLYWQ LWGVLSLVK	49
--	----

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

45

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

50

SECMVLRTYN HRLRSSLDI QLSTPPHSSY GRPVFLHSLR NKGLDRGSLL S	
---	--

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

15 SSSPLSFCWF LPSPAASCSS SCPSGMTSWS RSGPSISGFS WLTDRAACTC GVWPSSPAPP60
KPLPPTGLSS TPAPGLAPAA ACPSEAPINT DLMVPEP 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

GKGTMRSVLI GASEGQAAAG ARPGAGVEDR PVGGRGFDDA GELGQTPQVQ AALSVSQENP 60
EMEGPERDQL VIPDGQEEEQ EAAGEGRNQQ KLRGEDDYNM DNEAESETD KQAALAGNDRI20
NIDVFNVEDQ KRDTINLLDQ REKRNHTL 148

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

5 GPRDRLIQPS YFQRGKWGLE VTEHLAGALA PLASHRLPSS WDYRHTVTEA GPVCNSRCHL60
 QLKHSYYVMS LVTKVKLSHP EKAT 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 391:

- 10 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

25 CGKKCITLFL FLSPSLPLWC LRYWGSHSWG HSEATRNASS LHLAVSARTR NPQTSSQTS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 392:

- 30 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

45 TPRNLNFHSK LTQFHCNTV SLGSTKHPIT QFCFIWTPS RLQGHHGQE CEEVCGFLVL 60
 ALTARCKLEA FLVASEWPQL WDPQYLRHHR GREGDRNRNR VMHFFPH 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 393:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

VAPAVGSPVS QAPQRQRGGQ EQKQSYAFLS TLKKRNYTFR GMLSPRSTSS PVFHDLPKK60
I 61

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 394:

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 394:

CNCAPSLPDF SPLHPQCGIS LVPRGTPLDL WTSRPGQEAA TRNPRPLLK FTASVVVPDS60
SPAPGTTSTW GGAF 74

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 395:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

ATVHPACQIF PHYTPHYP WSPEAHPLIC GPPGLDKRLL PETP₁ ISN SQPVWLCLTP 60
 RQPLEPHPPG EGPSEWSSDT AEGRPCPYPH CQVLSAQPGS EEELEELCEQ AV 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

5

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

LCAKLGPQHI WSTLLVGTSP EHLTQPVHTA PRVPPLSQAG PTAPGSADKG MACPLRCQNS 60
 IOKAPPQVDV VPGAGEEESGT TTLAVNLSNR GLGFLVAASC PGLEVHRSRG VPLGTTKDMPH120
 WGCGNEKSGK LGAQL 135

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 396:

30

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

DRRSHGLLLLY NLPGEQFKNM NQDPFDPLII QKSTQKYAQK YVGIIH

45

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 397:

50

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

10 ERLSHCRSLV MLALISLCTP CTHAFSPVFY QASVSCITLK CDH

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 398:

- 15 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

30 WIKRILIHIF KLLSREVVKQ QSMRASISLP LLGDACPHLP MYPMHSCLLS CFLSSLSFMY60
 YTKM 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 399:

- 35 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

50 HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNILSITL60
 AYCYYYISSI YRQKGHF 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 400:

- 5 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 401:

- 25 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

FRNPALIEPS VGSTAEIFRA FNILKMAFLS IYRGNIIVTV CKSDTQNV

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 402:

- 45 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

5

EQRLRNLNISPC RMHCFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMS GLMILATGVQ60
ENGSPGSDSW 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 403:

10

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

MCDFIRGICQ FSHCGSFSDF ACSSSSKEARS FADFTIPQTC KFLTSSKLAL ALSSTFPFKS60
NLC 63

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 404:

35

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

MGITHECVIL LGASANSLTV VPSLTLPVHH LRRLDPSLTS PFLKPVSFSL LPNWLFQ60
PFHSRAIFAK E 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 405:

55

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

LGDHIYNWDV NHFFSGIRAQ RHNLQGHIIY YEHEFTVRLFI LPSTCAEMKP KQAVGFHKS 60
YVG 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 406:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

LVEPNGLFWF HFSASRRQNK ESHSKMFIVD NMSLKVPLC SYSTEEMIHI PIIDMVSQSE 60
ESFRRILHKYV LCTCPMLGNR KIIVIDKT 88

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 407:

- (A) LÄNGE: 269 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

5 LTVVYTVFYA LLFVFIYVQL WLVLRYRKRL SYQSVFLFL CLFWASRTV LFSFYFKDFV 60
 AANSLSPFVF WLLYCFPVCL QFFTLTLMNL YFTQVIFKAK SKYSPELLKY RLPLYLASLF120
 ISLVFLLVNL TCAVLVKTGN WERKVIVSVR VAINDTLFVL CAVSLSICLY KISKMSLANI180
 YLESKGSSVC QVTAIGVTVI LLYTSRACYN LFILSFSQNQ SVHSFDYDWY NVSDQADLN240
 QLGDAGYVLF GVVLFWELL PTTLVVYFFR VRNPTKDLTN PGMVPSHGFS PQILFL 296

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 408:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

20 HRRRLHRVLRA ALRVHLRAAL AGAACPPQAA QLPERLPLSL PLLGLPADRP LLLLLQRLRG 60
 GQFAQPLRLA AALLLPCVPA VFPHPHADELV LHAGDFQSQV KIFSRTIQIP VAPLPGLPLH120
 30 QPCFPVGEGN LCCAGKDGL GEETYRLCAS GH 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 409:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- 35 (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

50 LGFEHHLREV QVHQREGEKL QAHRRAVEQP EDEGAERIGR HEVFEVEGEE DGPPGGPEEA 60
 EKEEDALVAE PLVAVTQHQP ELHVDEHEEQ RVEHGVDDGE 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 410:

- 55 (A) LÄNGE: 268 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

APISSNFCSE SIWGYCDQLK VSESTHVLQP FLPSILDGLI HLAAQFSSEV LNLVMETLCI 60
 VCTVDPEFTA SMESKICPFT IAIFLKYSND PVVASLAQDI FKELSQIEAC QGPMQMRLIP120
 TLVSIMQAPA DKIPAGLCAT AIDILTTVVR NTKPPLSQLL ICQAFPAVAQ CTLHTDDNAT180
 MQNGGECLRA YVSVTLEQVA QWHDEQGHNG LWYVMQVVSQ LLDPRTEFT AAFVGAFVST240
 LISKGAGRELG ENLDQISSCH PSVKMAGG 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 411:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

HIGPQALSAI LHGGIVICVK GTLCHSRESL ADEKLGKGRL CISYYCCQDI NGCRTKPCRN60
 LVCWGLHYAD QSGNQPHLHW ALTGFNLGQL LEDVLSQ 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 412:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

PAILTEGWH EEIWSRFSPS SRPALEM RVE TKAPTKAAVN SEVRGSRSLW TTCITYHSPL60
WPCSSCHWAT CSRVTDT 77

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 413:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

IGFASIPPRI SGSPSILLAF YPHPPSPKLG PVLLCARETP KFRRKSIYR GGFILDQKNK60
KN 62

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 414:

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

50 DLIYNYYCYP SDLSFSAIDV IAISRSHNV FNPALILMLR MEFLTSSLKE PQPPNTYTYT60
SRIAK 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 415:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

LDSLPEHHVF PDHPHSFWLF TRIRHLRSWG QCYYVPGKPR NLGENQYFTG EDSSLTKKIK60
 KIKNTKKFMF LYCIPKECLY TVIILKENTS MLDI 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 416:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60
 PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD 83

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 417:

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 45 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

5 RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVSGV RSSMWLAKGH60
 LYLQLEFIN SC SLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 418:

- 10 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

25 TLNPHKTLSA KKARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
 EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 419:

- 30 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

45 YSFFFFFLYQN NHLPLFFLER EESGEEGKN AKCHFELLVH HTRGSPLMSA ASVHRPQVKE60
 RMRSSWTS 68

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 420:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

KPSIHFFFSC TKTIIFLYFS WSGKRRVEKK GRMQSVTLNF SFTTHVGVHS CQQPPCTGPR60

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 421:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 421:

DAGCRFVAPA LSGSPEITPQ RQLPFVNTRQ AVLAGPTRPH SFFHLGPVHG GC

52

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 422:

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

VLGKSMSIT IVWKANLHPK QIEVSQVKPH RMANRCLGCR MQVRGPGPVW LP

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 423:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

YRYVFPTTHY GYNGVELQTV KFCFGLVSPD PPRQELPLPP YLPALKLCPI KLDTNLTGF 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 424:

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

40 VTCLSLYVET NFTMITDLCN ISSLFHFTIL KCLLGKLTPF CSKGALHLLK PWGHTSSVAS 60
 EGQILWVVGD NFVLTYVIL 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 425:

- 45 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

HKKTSSYSGV TVCSYDSIIR LKAGEICVQF NRTQLKGRQV GWERKLLSGG IRGNQS GTKF 60
YCLQFNIIA IMCSGKHIPV LLDRLSFPFS GTKMVEGIIN PT 102

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 426:

15

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

30

SMPFQFGTQP RRFPVEGGDS SIELEPGLSS SAACNGKEMS PTRQLRRCPG SHCLTITDVP60
VTVYATTRKP PAQSSKEMHP K 81

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 427:

40

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

GRASALACHR YRSDWASGLY ILAALSTSSS IGSSGGRGNW QQVGNVYKES PDVIISGCHR60
NI 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 428:

- 5 (A) LÄNGE: 10 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

REHQQLLSGND FQGTSGVAWL VTSPSHYRQH WSSAQVPAQL KNLLLPLETS LAGFQIEKAY 60
FTENQKRLSL IPVEVNKSML STGLSTEGWN CQRNDDQMFR 100

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 429:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

NSHLNVTLII IMLIFSIYSR NQSLLKLHRG LKNVYHSIFI

40

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 430:

- (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

GGIGYKGRYL NSSNNNGYNPF FHNHLGCFKA I

31

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 431:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 10 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

TLIPIRDAKN QHNYYQCHIQ VGILPNTTIK GRIKLDNKIK KYKAFKNLTH HLK

53

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 432:

- (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 30 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 : (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

IALKHPKWLW KKGLYPLFEL FRYLPLYPIP P

31

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 433:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 50 (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

10 CNIFQWGPSE HTCWTVQTIS SPEGKYFCIR GNSVLERNMF FISQIKTLSN GKLASNFFKY60
SIFESPLVVT GFYRSSYTVC FNSGP 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 434:

- 15 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

30 LLIREINQVF PLIYDAIYFS GGLQSTPVGR CKPYLLQKAN TVFSEETQFW RGICSLYLKS60
KLSLMVNWL IFLSTVFFFPL 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 435:

- 35 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

YKSICLLEKI WFAPSNRCAL KAPTEIYCII DEGKDLVNFS YQKLVFRTSC PTWLPGAQGF60
FSEIVLRDPQ TCSPSPGATC ASSPRRQAVER SMRLS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 436:

- 5 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

SCAFLLLWGH SGPTWASMDP GLEQAHLHLF HLRQCGSRCQ EGLTSGPSRF LCARNERPGP60
ILPPRLDPEV RAGQPSRKHT V 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 437:

- 25 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

40 SRWNDSHPLL ISPLTSLKLL SSSKSHCQLP YVVLGPREPW NLAPWGGLIP AREHSCFSRD60
TVACMGQHGP WADHVHSCFS GDTVGPHGPA WTLG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 438:

- 45 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

HLEPHCLRWK RWRCACSSPG SMLAHVGPLC PQRSRНАHDQ PRVHAGPCRP LCPLRSRNAL60
 VPELNHPRVP GSKAPWDPEP HTEVGNGLSM S 91

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 439:

- (A) LÄNGE: 456 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

ITKTHKVDLG LPEKKKKKKV VKEPETRYSV LNNDYFADV SPLRATSPSK SVAHQAPEM 60
 PLVKKKKKK KGVTLCCEH VEPETTLPAR RTEKSPSLRK QVFGHLEFLS GEKKNKKSP 120
 AMSHASGVKT SPDPRQGE EE TRVGKKLKKH KKEKKGAQDP TAFSVQDPWF CEARARDVG 180
 DTCSVGVKKDE EQAALGQKRK RKSPREHNGK VKKKKKIHQE GDALPGHSKP SRMESSPRK 240
 GSKKKPKVKVE APEYIPISDD PKASAKKKMK SKKKVEQPVI EEPALKRKKK KERESGVAGD 300
 PWKEETDTDL EVVLEKKGNM DEAHIDQVRR KALQEEIDRE SGKTEASETR KWTGTQFGQW 360
 35 DTAGFENEDQ KLKFLRLMMG FKNLSPSF SR PASTIARP NM ALGKKAADSL QQNLQRDYDR 420
 AMSWKYSRGA GLGFSTAPNK IFYIDRNASK SVKLED 456

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 440:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

VRVCFLLPRV S⁵PTLSLLL FLPFQSWL¹⁰D DWLLYLLFGL HLF¹⁵LCGGLRV ITYGDVFRSL 60
NFDWL²⁰LFTSF PRAALHGP²⁵GG LGVAWE³⁰GISL LVDF³⁵FLLHL PIVFSGALPL PFLPQGCLFL120
ILLPH 125

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 441:

- (A) LÄNGE: 381 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

SRCRFCCRLS AAFLP²⁵RAMLG LAIVLAGRLN EGDRFLKPP³⁰I SLRNFSFWSS FSKPAVSHWP 60
NWVPVHFLVS EASVLPDSRS ISSCKAFRLT WSMCASSMLP FFSNTTSKSV SVSSFQGSPA120
TPLSLSFFFF LFRAGSSMTG CSTFFLDFIF FFAEALGSSL MGMYS³⁵GASTL TGFFLLPFLG180
LLSMDLEGLE WPGRASP⁴⁰PSW⁴⁵ IFFFFFTFPL CSLGLFRFRF CPKAACSSSF FPTEQVSPTS240
LASLASQNQG SWTEKAVG⁵⁰GSW APFFSFLCFL SFLPTLVSSS PCLGSGEVFT PEAWDMARGD300
FLFFFSP⁵⁵LRN SKWPNTCF⁶⁰LR LGDFSVRLAG SVVSGSTCSS QRVLTP⁶⁵FFF FFFFTRGISG360
ACPWATLLEG DVALKG⁷⁰GETSA K 381

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 442:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

DHHNKLSLQS QTYYILL⁵⁰SVN GEKISPYV⁵⁵LW VKCCNRLGLS NLP 43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 443:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 55 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

15 MVISIFPPLL YKLIFTHLLL YKLTFINTNK RLVLSQFICH EPRNN

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 444:

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

35 GKPKNCCDF QGKLDNPNLL QHETHKTYGL IFSPLTDSSI

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 445:

40 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

GVGGGALRSA ALPWA PLT STCSRCKPS TAE MEHLVQS WCLI MLQ THDFKWLQR60
RSVNKSWNPL MMKCLQLI 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 446:

5

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

RLRRRGWRSP FGGAPMAHIT INQYLQQVYE AIDS RDGASC AELVSFKHPH VANPRLQMAS 60
PEEK CQQVLE PPYDEMFAAH LRCTYAVGNH DFIEAYKCQT VIVQSFLRAF QAHKEENWAL120
LSCMQ 125

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 447:

30

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

45

MSCKHFIIRG FQDLLTLLW RGHLKSWVCN MRMFKRHQLC TRCSISAVDG FVHLLQVLVN60
GNVRHGSAAE RRAPPPTPQA 80

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 448:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(2) INFORMATION JER SEQ ID NO: 451:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- ## (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

SASHPESRLC RGGADMQAPR GTLVFALVIA LPVGREGPSS QGSQSALQTY ELGSENVKVP 60
TIEEEDTPSVM EIEMEELDKW MNISMNRNADE ECLPTLKEEK ESNHNPSDSE S 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 452:

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

40 EEWALEETAK GSCVYVDLKL IKFVSSSSSV GSLSRLPQGL LLLENMSAIQ V

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 453:

- 45 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

FDSFSSFKVG KHSKSAFLFM LFIHLSSSI SISITEGVSS SKIGTFTFSL PSSYVCKAL 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 454:

- 10 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

PITTCSLGDP GKDKYTCTHR GRERCVQRIC INILFSHPDM RSQCCMMKRW YDSTYVPIVL 60
LFLYFLFRSF TIGRFQKHSF HHHLEMVCLN GDNSRSCSIS SRHGLLI 107

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 455:

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
-
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

RRGVSFLLSR QKWYHYVAAL QSPRARSLEN HLLSRFFFFL RVGVSLCCPK TRPGNCWGAK60
GIAPVPQASR VGR 73

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 456:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

15 SWGNIVRLLP SKKKKNAKEG DSLESELWEI GERQHNDTIS AYLEGKKLLS FSCMVTVISS60
RKDISKE 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 457:

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

35 DQPSLPFIRH KTLNLTSMAT KIIGSPETKW IDATSGIYNS EKSSNLSVTT DFSESLQSSN60
IESKEINGIH DESNAFESKA S 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 458:

- 40 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P

41

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

- 10 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHVFV SGEPIILVAI LVRLRVLCRY NGREGW

36

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

- 30 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHQST LFQVNL

36

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

- 50 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 :
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

10 GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60
 PASWGQWGRD FGLSEQLEA AHD 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

- 15 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 :
 (vi) HERKUNFT:
 25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

30 RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVG RSSMWLAKGH60
 LYLFQLEFIN SC SLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

- 35 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 :
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

50 TLNPHKTLSA KKARVIFFCI QDSTAÑLVFC YKNLVSHELL KRTRITGTGP QLHETPSFLN60
 EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

- 5 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDTNSMH VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60
SMLFYNCDSP GSLGAI 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- 25 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPDSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

5 HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWLLEG

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 10 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

25 IPLQRFSLLT SLFFVLKLDF LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

- 30 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

45 LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKERKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWT A HSKLTRLAIC60
 EYFSK

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

- 50 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTEP NKEGKGDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN 56

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

15 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHC AALSGAENYR 60
SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

40 (A) LÄNGE: 399 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYPE: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPPSSLR RAFRRRELPF 60
PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHEKLT LGITRILESS120

PGVTEVTIIE KPPAL AIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGA WSV KLDEHIPLG180
 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
 GSGKVCLVYK SGKPALAEDT EIWFDRALY WHFLTDTFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300
 YGISPQAKQW FFSMYKPITYN TNLLTEETDS FVNKLDPSKV FKSKNKIVIP KKKGPVQPAG360
 5 GQKGPSGPSG PSTSSTSKSS SGSGETPPGK LRHPSFQFA 399

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 472:

- 10 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

25 RSAGGFSSMMV TSVTPGEDSR MRVMPRVSFS RCGLLQPSPG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60
 GPDPAASAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 473:

- 30 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

45 KYVSHANISI YKWRTLTLLE FSYKIPNFVI ILSGITLYCK NASYFTFKFD NVCDEL 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 474:

- 50 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

QLISPKAFRV LILNPKKSME FMMKAMLLNQ KHLESIFFEK P

41

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 459:

- 10 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

IPEVASIHVF SGEPIILVAI LVRLRVLCR NGREGW

36

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 460:

- 30 (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

NSEGFRRNQL LQIDLKIFLS CKFQKLHQST LFQVNL

36

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 461:

- 50 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 :
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

15 GRRNDQLNLH IPQAGPFAGP YRLGWPLLSS GIRLPDWLVL HVSIKLKVIP WPPPGENQPH60
 PASWGQWGRD FGLSEQLLEA AHD 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 462:

- 20 :
 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 :
 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 :
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 :
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 462:

45 RRKASIIAFK GILLTLTQGV QSAREPILIS SSKMFLEENP WNVLKDVGKV RSSMWLAKGH60
 LYLFQLEFIN SC SLVSLGAE VWHIFKPVHS RIQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 463:

- 50 :
 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 :
 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 :
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

65 :
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

70 :
 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

75 TLNPHKTLSA KKARVIFFCI QDSTANLVFC YKNLVSHFLL KRTRITGTHP QLHETPSFLN60
 EHESIYVHPS THMKMLCSST GMDGIRIKPI WKLKYF 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 464:

- 5 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

NLFTMKFLPE FSPFDTNNSMH VSTFETQPNV ISVKSSLSLP SSNLPSPRVY LPFCAHLSYS60
SMLFYNCDSP GSLGAI 76

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 465:

- 25 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

NQRMIEIYSN TKTERKCHST LKAANTIDHF IWLPDSQESH NCKITCYCNS NVHKMAGKL 59

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 466:

- 45 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 55 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

5 HATVTQMCTK WQVNSRRRQI TAWKTQGRFY RNDIWLLEG

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 467:

- 10 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

25 IQLQRFSLLT SLFFVLKLDF LVVHASLSLV TVNNLPTSSN Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 468:

- 30 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- 40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

45 LSKAIYFCKK AAACINHDHS STLNKERKRF LSLTQSLPLC HSPRGWGWTA HSKLTRLAIC60
EYFSK

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 469:

- 50 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: F

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

PDWLFVNTEP NKEKGKDVSY SGGKCSFSGK NGCRVGNQGS RCELLIRTGG KVVHSN 56

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 470:

30 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

ARPAPAGREG RGEGEATSRR CGVGHRAGPR EPAPHGAAAV RPTPGPHHHC AALSGAENYR 60
 SRHAMKLASA LRRGPALHPL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAASRTWRS 109

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 471:

60 (A) LÄNGE: 399 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

70 (iii) HYPOTHETISCH: ja

75 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

80 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 471:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPPSSLR RAFRRRELPE 60
 PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120

TIIE KPPAERHMIS SV KLDEHIIPLG180
 SISKL TQLTQSSMYS SWJSR SVIFELDSCN240
 CLVYK SGKPALADET EIWI P KKKGPVQPAG360
 SQAKQW FSMYKPITYN TN 399
 PSGPSG PSTSSTSKSS SG

NFORMATION ÜBER S¹

- (A) LÄNGE: 96 Amino
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: M

(xi) SEQUENZ-BESCHRE²

RSAGGFESMMV TSVTPGEDSR MR DASSSMARD RDSRAAGAGG60
 GPDPAASAPRP ISWHAGNGSS RR 96

(2) INFORMATION ÜBER S²

- (A) LÄNGE: 56 Amino
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: M

(xi) SEQUENZ-BESCHRE³ NO 473:

KYVSHANISI YKWTLTLLL FSY ILYIK NASYFTFKFD NVCDEL 56

(2) INFORMATION ÜBER S³:

- (A) LÄNGE: 37 Amino
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

MOLEKÜLTYP: ORF

HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:
WIFRVCCISR EIHFYILFYY KHLDKGHLTH FKKHKCI

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 475:
37

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:
PKGLSIKVRR NLDTRRKRCR LLNFIHHIH CQI

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 476:
33

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:
HIKIEFFGQN FWEAMHPTWA DIQPELFSRG EWYWQFMAEI HSDWLESMLY QLLNTLSTTTCG

AYCYYYISSI YRQKGHRNI

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 477:

- 5 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

SSLGKTFGKQ CILHGLIFSL SCSQEESGTG SLWLKSILIG WSLCYTSC

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 478:

- 25 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

40 EQLRLNISP C RMHCFFPKVLP KELYFYVLSH RTGEKCSGHC WDLIFLGMGS GLMILATGVQ60
ENGSPGSDSW

70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 479:

- 45 (A) LÄNGE: 400 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

PQQTPWAVAG RWCNGPSLHR NRAGLDLPTI DTGYDSQPQD VLGIRQLERP LPLTSVCYPQ 60
 10 DLPRLPLRSRE FPQFEPQRYP ACAQMLPPNL SPHAPWNHYH HCPGSPDHQV PYGHDPRAA120
 YQQVIQPALP GQPLPGASVR GLHPVQKVIL NYPSPWDQEE RPAQRDCSFP GLPRHQDQPH180
 HQPPNRAGAP GESLECPAEL RPQVPQPPPSP AAVPRPPSNP PARGTLKTSN LPEELRKVFI240
 TYSMDTAMEV VKFVNFLLVN GFQTAIDIFE DRIRGIDIJK WMERYLRDKT VMIIIVAISPK300
 YKQDVVEGAES QLDEDEHGLH TKYIHRMMQI EFIGQGSMNF RFIPVLFPNA KKEHVPTWLQ360
 NTHVYSPKKN KKNILLRLLR EEEYVAPPNG PLPTLQVVPL 400

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 480:

20

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

SSSGWRVARG SRHSSWGRRL GNLWSQLCRA LQGLPRSTSS IRWLVMWLVL VPWKPRKGAV 60
 SLCGPLFLVP GAGIIQDNLL HRVQASHTGS RQGLPRQSRL DHLLVGCSR VMAIWHLVIG120
 TSRTMVMIVP WSMWGKIGRQ HLCTCWIPLR FKLRELPGPE RSGEVLGVTH GGEGQGPQL180
 PDAQDILGLG IISRVYGWQI QACSPVQAG AVAPSPCYRP RSLLR 225

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 481:

- (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

KQRMQSSHRL HFKARVGGGL RGRALHNRFP GGQRASRGGT EKNQLEKPT SLSQNAVRTR 60
 PQTWPGLSDL GMNGVTREPP EGWAEAPVEE PHTLPLSAAA AGCFFYSWAS CRHECSEARW120
 AHAPS 125

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 482:

- 10 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:
 VAMTAKDCSI MIALSPCLQD ASSDQRPVVP SSRSRFAFSV SVLDLDLKPY ESIPHQYKLD60
 GKIVNYYSKT VRAKONAVMS TREKESEDCT LVLHKV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 483:

- 30 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:
 LHCLPVCRMP ALIKGLWSLH RGPGLPFPCL CWTLTSSPTR AFPISINWTA RSSTIIQRLY60
 VPKTTP 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 484:

- 50 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

10 NKAFRIRESD MSPGWERRTI QNVFPGLNKH FHFKSVSSFL GHSTHFLHSL SRKLFLVLFN 60
SMSPRGNPTS KGVKSKNIHN ORSPNTTENI SIIOPSHYVO VSKTQGKS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 485:

15 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

CSSIPCLQEAI PPQKGLKAK TFTTKGHPTQ QKISLSFSLH IMFKFQRHCR ERVRPCGELM60
CNI.RP 66

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 486:

40 (A) LÄNGE: 109 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

SRHAMKLSA LRRG. APL PPRANRGREP WRRRHRPRGW AAA

RS 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 487:

- 5 (A) LÄNGE: 389 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

AAGACGARGS GRRGSYVPEV RCGAPGGAAG TGAPRSCCCQ TNPGPPSSLR RAFRRRELPF 60
 PACHEIGLGA EAGSGPPPAP AARESRSRAM EEEASSPGLG CSKPHLEKLT LGITRILESS120
 PGVTEVTIIE KPPAERHMIS SWEQKNNCVM PEDVKNFYLM TNGFHMTWSV KLDEHIIPLG180
 SMAINSISKL TQLTQSSMYS LPNAPTLADL EDDTHEASDD QPEKPHFDSR SVIFELDSCN240
 25 GSGKVCLVYK SGKPALAEDE EIWFLDRALY WHFLTDFTA YYRLLITHLG LPQWQYAFTS300
 YGISPQAKW FSMYKITYN TNLLTEETDS FVNKLDP SKV FKSKNKIVIP KKKGPVQPAG360
 GQKGPGPSG PSTSSTSKSS SGSGNPTRK 389

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 488:

- 30 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

: (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

RSAGGFMMV TSVTPGEDSR MRVMRVSFS RCGLLQPSPG DDASSSMARD RDSRAAGAGG60
 GPDPA SAPRP ISWHAGNGSS RRLKARRSDD GGPGLV 96

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 489:

- 55 (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

LAAGRGKEEE MGfedHGLPF LPLTHHTPFP PLSLSPLPKK KKKEFFIMNQ QGFSPYQREM 60
WKEKKPPFV PNSTLPIFYA TQTLSEWVPF LQMDLLRRII VFHVFSQPVT KINICIYNLY120
CYIFVDNTF RWCWVIYYNL NLGISFGLPQ SC 152

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 490:

25 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

GPWLTFPAFD PSHPISSSFP LPAAKKKKKG NVYHESTGFQ SLSKRDVERA KETTLCSQLH60
FTHILCNTNT VLLGPFLTDG PLEKNYRIPR F 91

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 491:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

KWGTQRAGNF HYPILGLNLK EYIHYQELST KAGVKLHYTW LFTIPGSPPQ HDCGRPKDIP60
 RFRL 64

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 492:

- 15 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

RFTASRVGNE PDINTPSSMP CPPSGPVPVK AGSHFSHPQA VPKALEEPKE RQEPSWELTL60
 MTRGQLAQFP LFSGEGTL 79

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 493:

- 40 (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

KSSPDPARHY GSPPEGERPG KRSVPKVNPRL SLGPTSLPTA TSHQPHARAR PFPLQLTAQQ 60
 MLGQNASHL TKGLQPAGWE MNQILTTPPPP CPAHLLCQYQ 100

(2) INFORMATION UNDER SEQ ID NO: 494:

- (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- ## (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KGSLPPTKQG KLGQLAPGHQ GQLPTWLLPF LGFFQGFGNS LGVGEVASCL HWYWPRRWAG60
HGGGGVNIWF ISHPAGCKPL VK 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 495:

- 25 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

40

RVPSPQLNKG NWANWPLVIK VNSQLGSCLS LGSSRALGTA WGWEKWLPAF TGTGPEGGQG60
MEEGVLIISGS FPTLLAVNL 79

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 496:

- 50 (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

10 IQKVQYYTSP AAFVNNGSLHS HWGTTVCMGR NSKCPHCGHW VGS AFCQGVC RNWLISVCQS 60
 DQHTKVSIAK NVASLHPPSC YSGPSNLM 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 497:

- 15 (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

30 SHTSEKRRGT REEVTPASRS SISGVKRGTV ALPSWLRMRK SFLQWEIHF SIPVQSDFMG 60
 PVLNNSDCIIN TIKRDSEMGS RIHW DNSKAY NTALMDPT 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 498:

- 35 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

AGYTPVSSTI RQLHQITGPR VTGWRMQGSH ILYGRDFGVL ITLAYRNKPI PADSLTKGTP 60
 HPMTTMRALA VSAHAHSCTP MAV 83

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 499:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

GKICEYVNFL SLRDDRMFPY FSCKENNILT YTSCRKYHLF PLYYSTMFTL LYCQAESIKN60
VHIHFELCIL FLKKGAGLWH WAGHD

(2) INFORMATION ÜBER SEO ID NO: 500

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP-ORE

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500;

SYRLKGIGKC VFSRDHVESE QCWQTLPRKS CFSRCPCFGI SFLGRKKSS LTIVNSISYF60
SFCCSNGFPP TIIPSIYVLL YSPLSPVTFL SNTRPBPKE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 501:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP· ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

VSSCTSNHGV RSSLSSGEHK CTERDVLRT TKELPSLSLT QAMCTCDAAE CAGVGGGHVA60
PPEHFLTGKL GDPLLVNFVE IRTVSFT 87

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 502:

20 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

TPKTLGCLLV SRVEQAQRES LGPELKEFIE PWQTGSKQPI LAAVLRRECG GQI 53

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 503:

50 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

65 PSGPFSSLES TLLLQQVQAA IASFLSDCNS PIRFPCFYIC PPHSLLNTAA RMGCLLPVCH60
GSINSLSSGP KDSRWACSTR DTSRQPSVLG V 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 504:

- 5 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

VFIYDSLIIIP TSISSVHTVC QMFHAEPVSR ILLSDYGGFT TRPGNSNLGS KVGHSSMHR 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 505:

- 25 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 505:

DRKFWNQKID PVFSYIQSST SEFLFLNIGV LALFLKDALY LKRKLDVRTG CGAVKYFRPR60
SVYTFYRRNE VL 72

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 506:

- 50 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

5 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

SILGPGLCTH FIEEMKYSEV FWLPFHFCV LNLSDHTYIV LLGAVVSFIK PLACVQKFLK 60
10 GNTSNAYPLL ACYAACFTAI AVCFTVFVKI PLSPFLVTGK AC 102

15 :
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 507:

- 20 :
(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25 :
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

NNEHKMLFII TSICEISYCK TTTGLLNSL VIVFRLEMPP TLVINITKYN VFLGRHFIKC60
30 IMPWLLR 68

40 :
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 508:

- 45 :
(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50 :
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 :
(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

LKFLQVLKFF FYSLHWIYVF LIPNMENWDV CHSRAARQTF KSNSHTAELA FLITQKFRKL60
55 TTVT 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 509:

- 5 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH; ja

15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS; MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509.

GPRAHWPLPN TMLEPKRANM GPEYNGDIFM FQPFNLTCLL LSFPISSNL FCLTIYYLLG60
ITSSYRIPSS LMSCPKOY 78

78

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 510:

- 30 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH; ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 511:

- 50 (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORE

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

20 SFVKWSPNLK LGNYEEEKIA RYLLRSACRS AVGLVTIGSK VLLQWQILWP LSG

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 512:

25 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

ICCRACHHWK QGPTSVADLV AFEWLKTTL HRAGAMHRHP SLP

43

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 513:

50 (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:
60 (A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

70 QALQQI?RQT LTD TGQFSLL RNFLVLSWVT ILQNFTT

37

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 514:

- 5 (A) LÄNGE: 228 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

TGGARARRPL SAVARPARISS DPLRSAPLGP APPVNMIRCG LACERCRWIL PLLLSAIAF 60
 DIIALAGRGW LQSSDHGQTS SLWWKCSQEG GGSGSYEEGC QSLMEYAWGR AAAAMLFCGF120
 IILVICFILS FFALCGPQML VFLRVIGGLL ALAAVFQIIS LVIYPVKYTQ TFTLHANRAV180
 TYIYNWAYGF GWAATIILIG CAFFFCCLPN YEDDLLGNAK PRYFYTSA 228

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 515:

- 30 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

DPLPPPSWEH FHHSEDVWPW SLDCNQPRPA SAMMSKAMAL SRSRGRIQRQ RSQARPQRIM60
 45 LTGGAGPSGA ERSGSEERAG RATAESGLRA RAPP 94

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 516:

- 50 (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

10 TLPKNGFKVA WRNSFFFWSPI SQQQRFSPTF IPKLGRCEV PGLGIAQKVI FVVGEAAEEE 60
 GTADQDNRGC PPKAVGPVID VSDSTVGMKG EGLGVLHGVN YQGDDLEHSS QGKETSNHSQ120
 EDKHLGSTEGL EEEGEDETDHQ DDEATEEHGS RCSTPRVLHE ALTALLVGPA AAALLGAFPP180
 CBGRILAVVAR LOPAAAGORD DVEGDGAE 208

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 517:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

35 PSCPPEMKKE LPVDSCLPRS LELHPQKMDP KRQHSQLSS LTECLTVDPL SASWRQLYP 60
KHLQSQSSLLE HLLSSWEQI PKKVQKSLQE TIQLSLKLTNQ ELLRKGSNN QDVVTCDMAC120
KGLLQQVQGP RLPWTRLLLLL LLVFAVGFLC HDLRSHSSFQ ASLTGRLLRSGFLPASQQA180
CSKFTPTVCK VTGWLGEKCR FGVP 204

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 518:

- 45 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

5 PEVMAQEAYS EDQQQQEEPR PGQPRTLNLL QQALAGHVTG DDILVVTATL PQQLLVGKLE60
 GLNGFLQRLL YLLGNLLPGA EQVLQQKAGL 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 519:

- 10 (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

GTPKRHFSPN QPVTLQTVGV NLEHACWLAG KKPDDRSNRP VREAWKELCD RRSWHRKPTA60
 KTSSNRRSRV QGSRG 76

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 520:

- 35 (A) LÄNGE: 355 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

50 FRHSMNGCEK DSSSTDSDANE KPALIPREKK ISILEEPSKA LRGVTGPNIE KSVKDLQRCT 60
 VSLTRYRVMI KEEVDSSVKK IKAFAELHN CIIDKEVSLM AEMDKVKEEA MEILTARQKK120
 AEELKRLTDL ASQMAEMQLA ELRAEIKHEV SERKYDEELG KAARFSCDIE QLKAQIMLCG180
 EITHPKNNYS SRTPCSSLLP LLNAHAATSG KQSNEFRKSS THNKPSEGKA ANPKMVSSLP240
 STADPSHQTM PANKQNGSSN QRRRFNPQYH NNRLNGPAKS QGSGNEAEPL GKGNNSRHEHR300
 55 RQPHNGFRPK NKGGAKNQEA SLGMKTPEAP AHSEKPRRRQ ARCRTPREGQ GPFRG 355

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 521:

- 5 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

NQNVKNRGTQ KKCLPSVEKL PNPPWGQKNA TVKTPNRKLT PERPLALPRC PAACLPSPGL 60
FRMGRGLGGL HPQGSLLIFG TAFVFGPEAV VRLSSVFVAA VALSQWLGFPTALRLGRPI120

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 522:

- 30 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

RAVRISMMASS LTLSISAINE TSLSMMQLCN SAKAALIFFT ELSTSSLIMT RYLVRETVQR 60
CKSFTDFSIF GPVTPRSAFE GSSSIEIFFS RGIRAGFSLA ESVDELSFSQ PFMLCR 116

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 523:

- 50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRSVSG AANTKVRELK HFRFLGLLR 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP 130

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 524:

- 20 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

40

ISANKSWQKI HKEKHHHIEK DEKPEVQPVG VFGKPICPRL RPHIEVLPPS LAKASPLPET60
ISTINTRCVH LH LAPAAS 78

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 525:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzeln
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

GLTSKFCLPP SLKPRRSRRP SRPSTPGAST SISLLQLRNN PRNRKCLSSR TLVFAAPETE60
RSPAACAVRR APGSGMHSEP TLPSAQAPGS AFRCL 95

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 526:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

SLNSTFSVLP QKFPQFQQHR AVYNSFSTPG QAARYPWMAF PRNSIMHLNH TANPTSNSNF 60
LDLNLPQQHN TGLGGIPVAG EEEVKVSTMP LSTSSHSLQQ GQQPTSLHTT VA 112

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 527:

- 35 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzeln
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

RFRPCHCQPL PIHYNKDSSL QVSTLLWPDN RTERRGLDSG VLAWATGFLH DSFMILLMY60
TPRRANINVPA 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 528:

- 55 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

RNHAKIQLPM QAPQSLILSS QFCCQATVWW RLVGCCPCCN EWEEVDGGMV ETFTSSSPAT 60
GIPPRPVLCC GGREFSKKLL FEVGFAVWFK CMMLLRGKAI QG
102

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - 5 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-126.
 - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
 - 10 oder
 - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos1 - 126, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141, dadurch gekennzeichnet, daß sie im Uterustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 141, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 30 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 25 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 45 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 50 9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
- 30 16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 35 17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 40 18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
- 45 19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
- 50 20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 5 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 142-528.
- 10 24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 15 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 142-528, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Uterustumor.
- 25 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Endometriumtumor verwendet werden können.
- 30 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141 in sense oder antisense Form.
- 35 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Endometriumtumor.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 142-528, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Endometriumtumor.
- 40 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 142-528.
- 45 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 50 34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

35. Genomische Gene ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 141.

5

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

10

37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

15

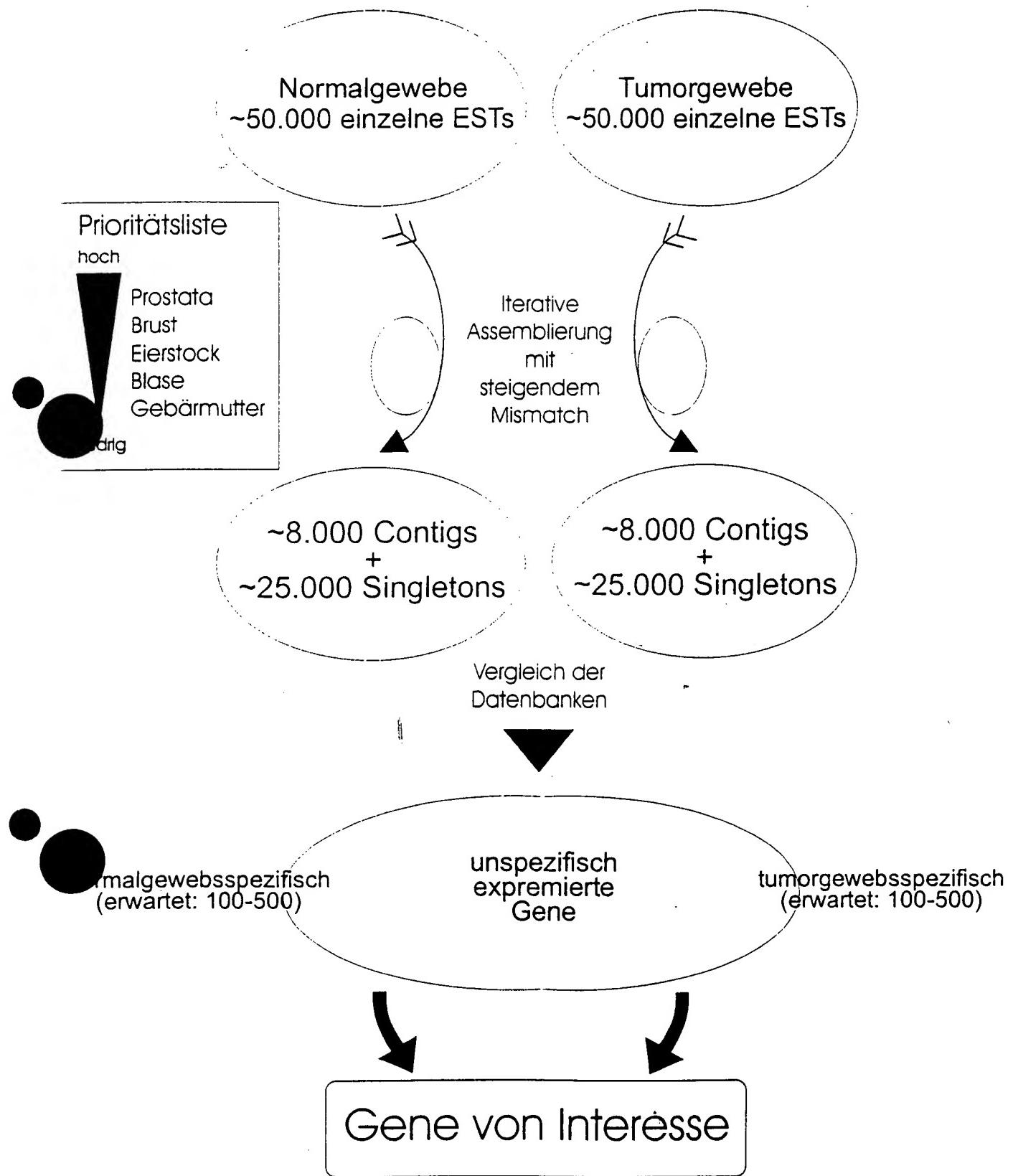
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Zusammenfassung

- 5 Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Endometriumtumor, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben.
- Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank



Prinzip der EST-Assemblierung

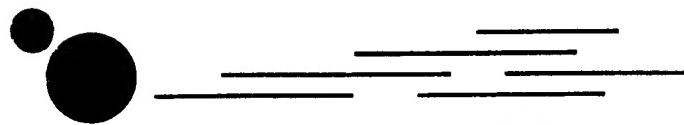
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)

Contigs

Singlets



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs

Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%, 2%, 4%)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singlets

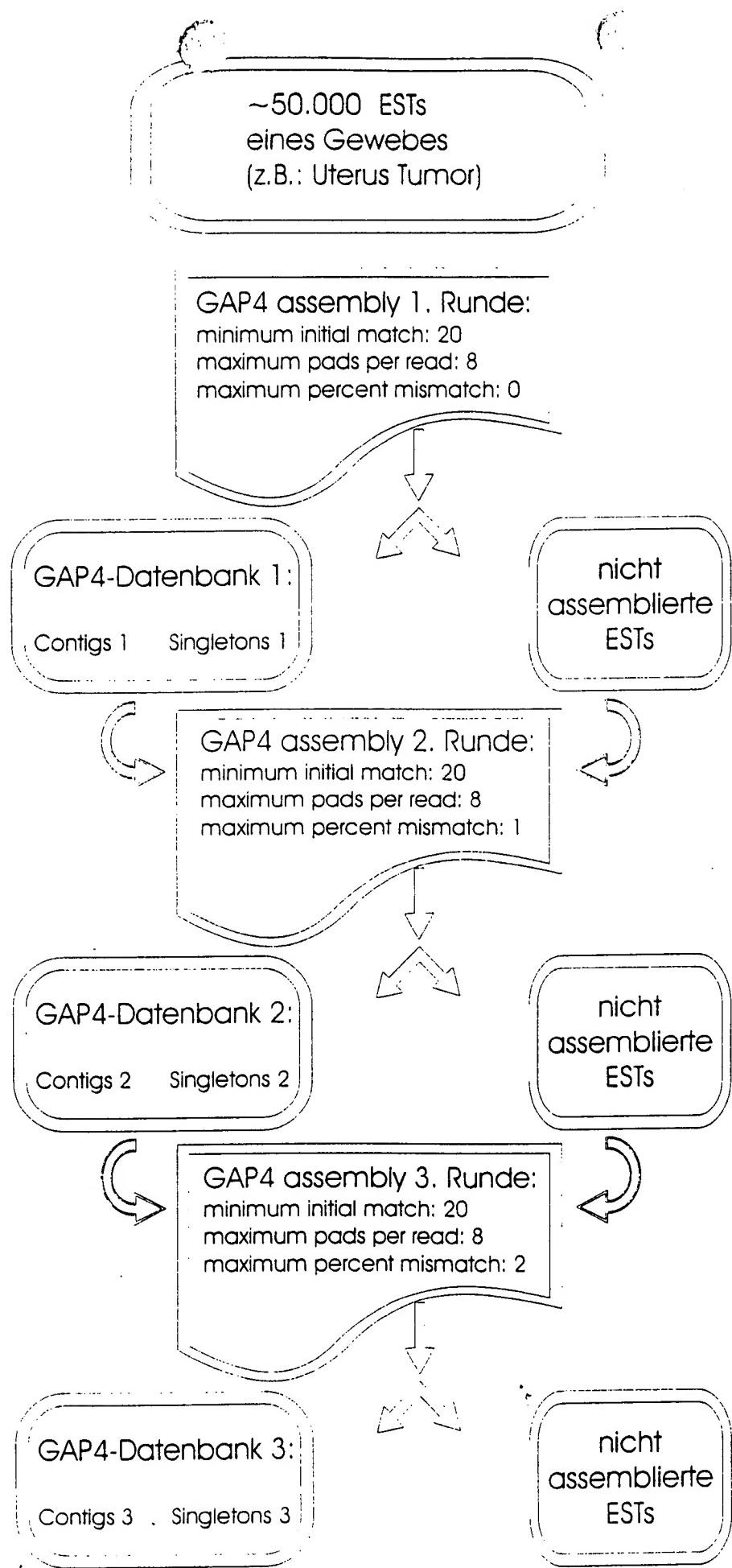


~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

metaGen

Gesellschaft für Genomforschung mbH

Fig. 2a



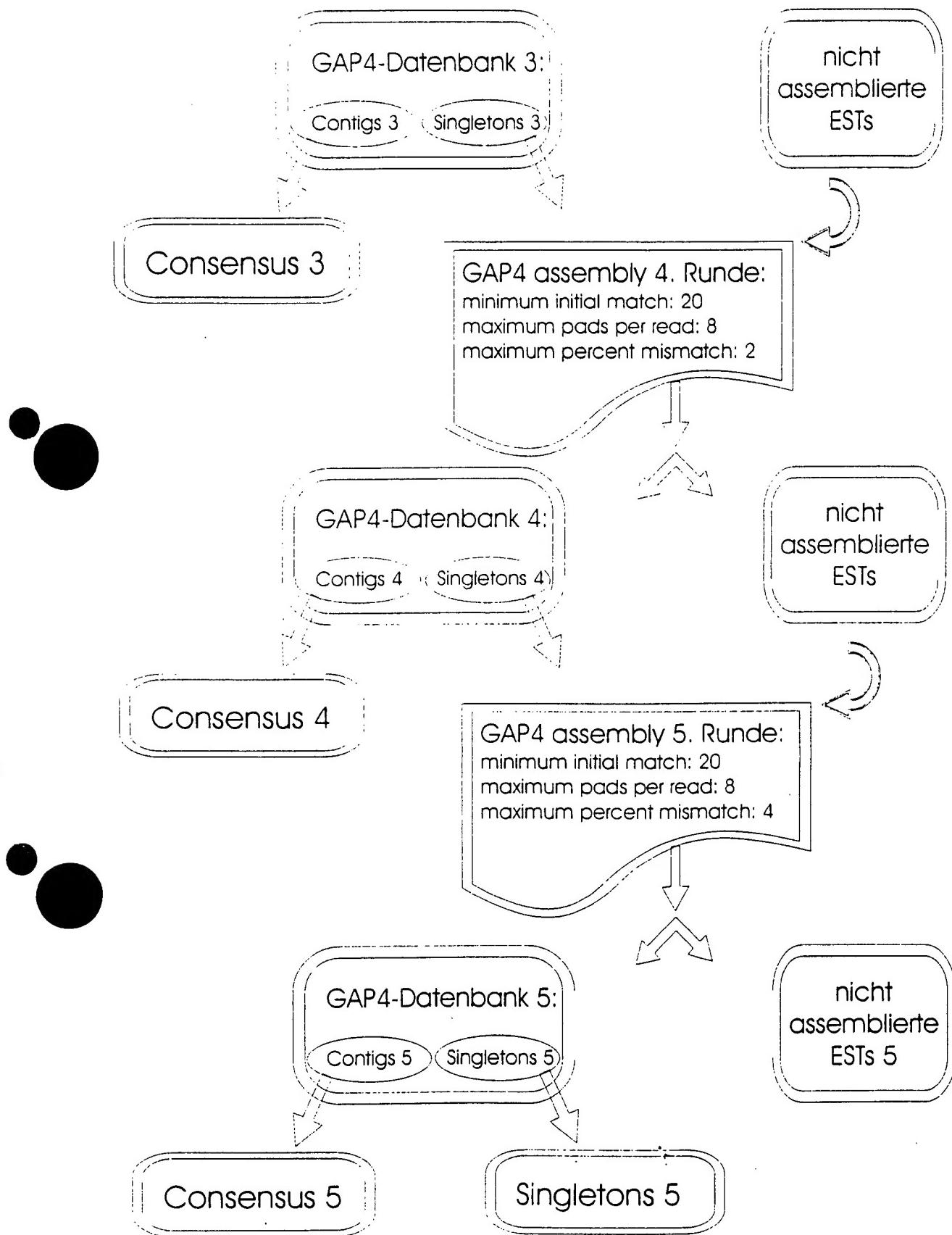


Fig. 2b2

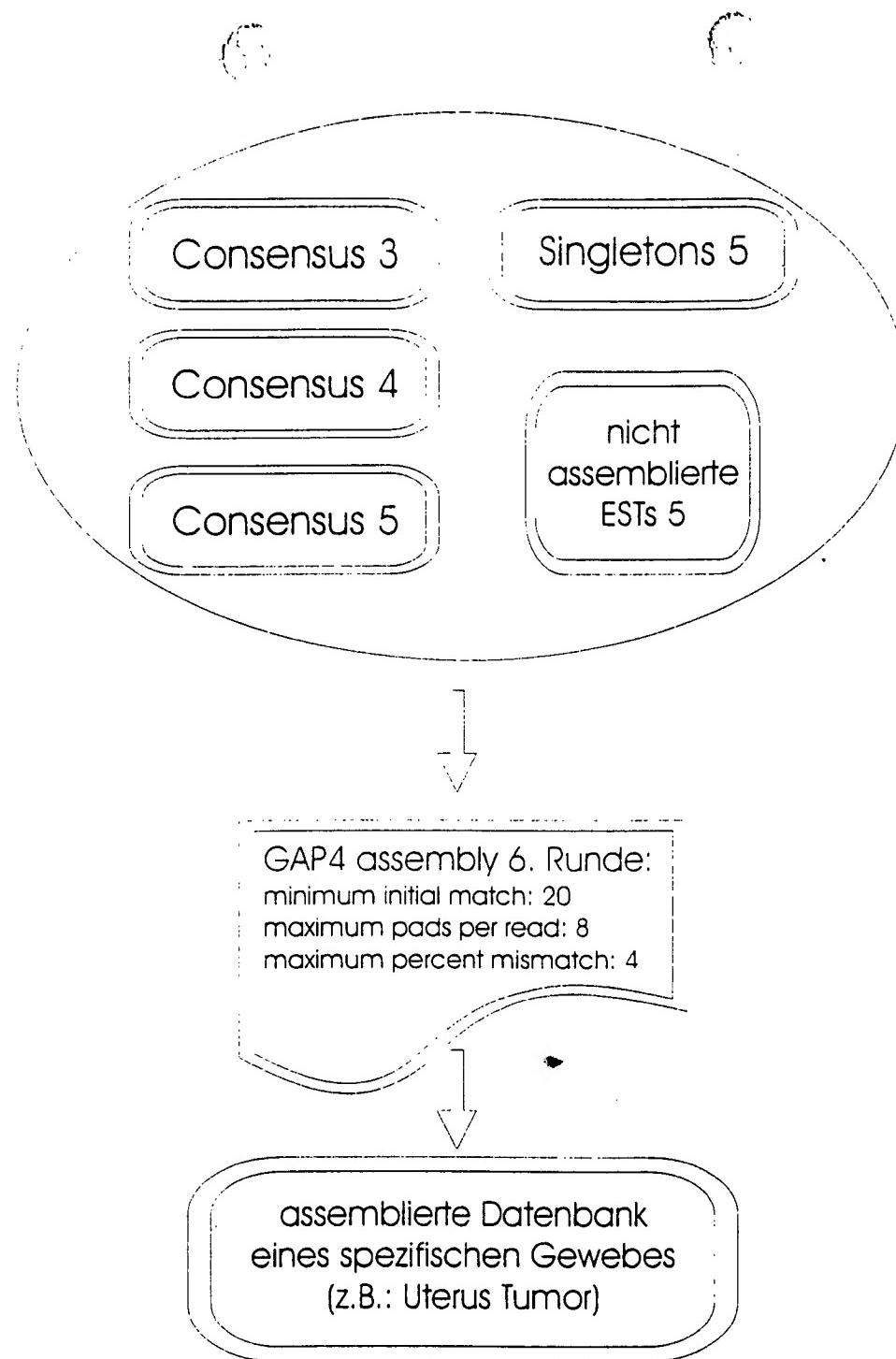


Fig. 2b3

assemblierte Datenbank
eines spezifischen Gewebes
(z.B.: Uterus Tumor)

Consensus 6

Einlesen als Singletons

Datenbank eines
spezifischen Gewebes
(z.B.: Uterus Tumor)

Datenbank eines zweiten
spezifischen Gewebes
(z.B.: Uterus Normal)

GAP4 assembly
minimum initial match: 20
maximum pads per read: 8
maximum percent mismatch: 4

Tumor-Gewebs-
spezifische
ESTs

nicht Gewebs-
spezifische
ESTs

Normal-Gewebs-
spezifische
ESTs

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe

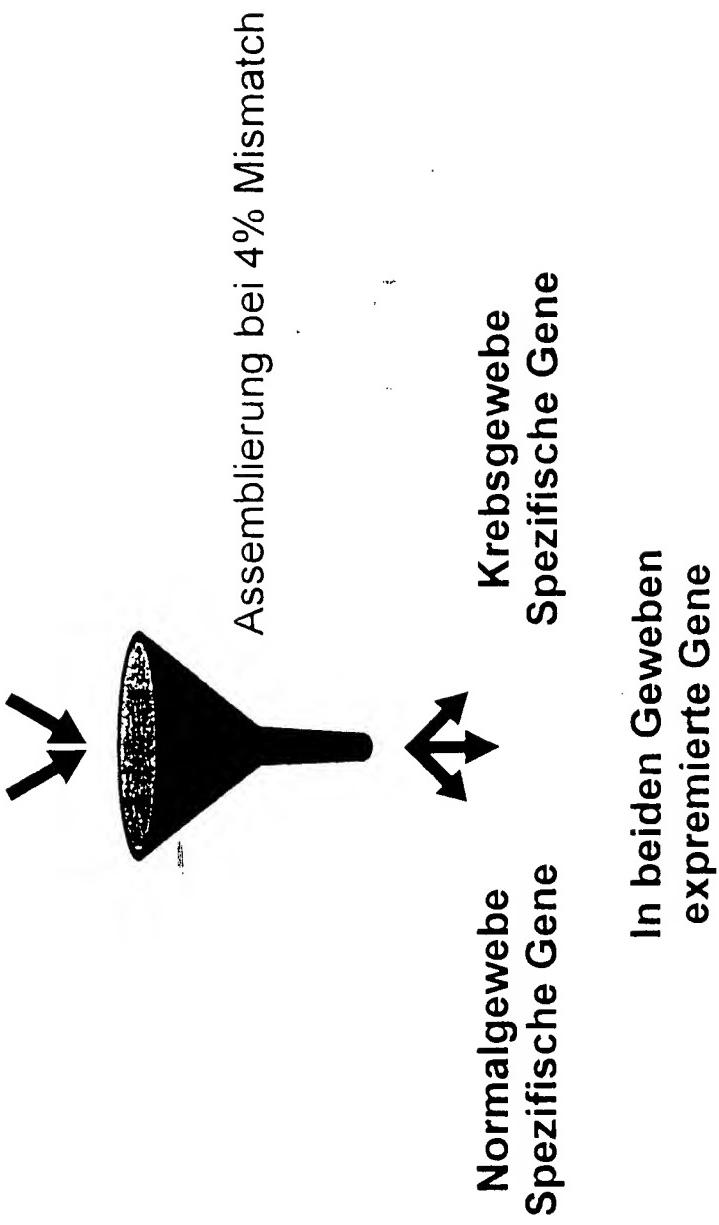
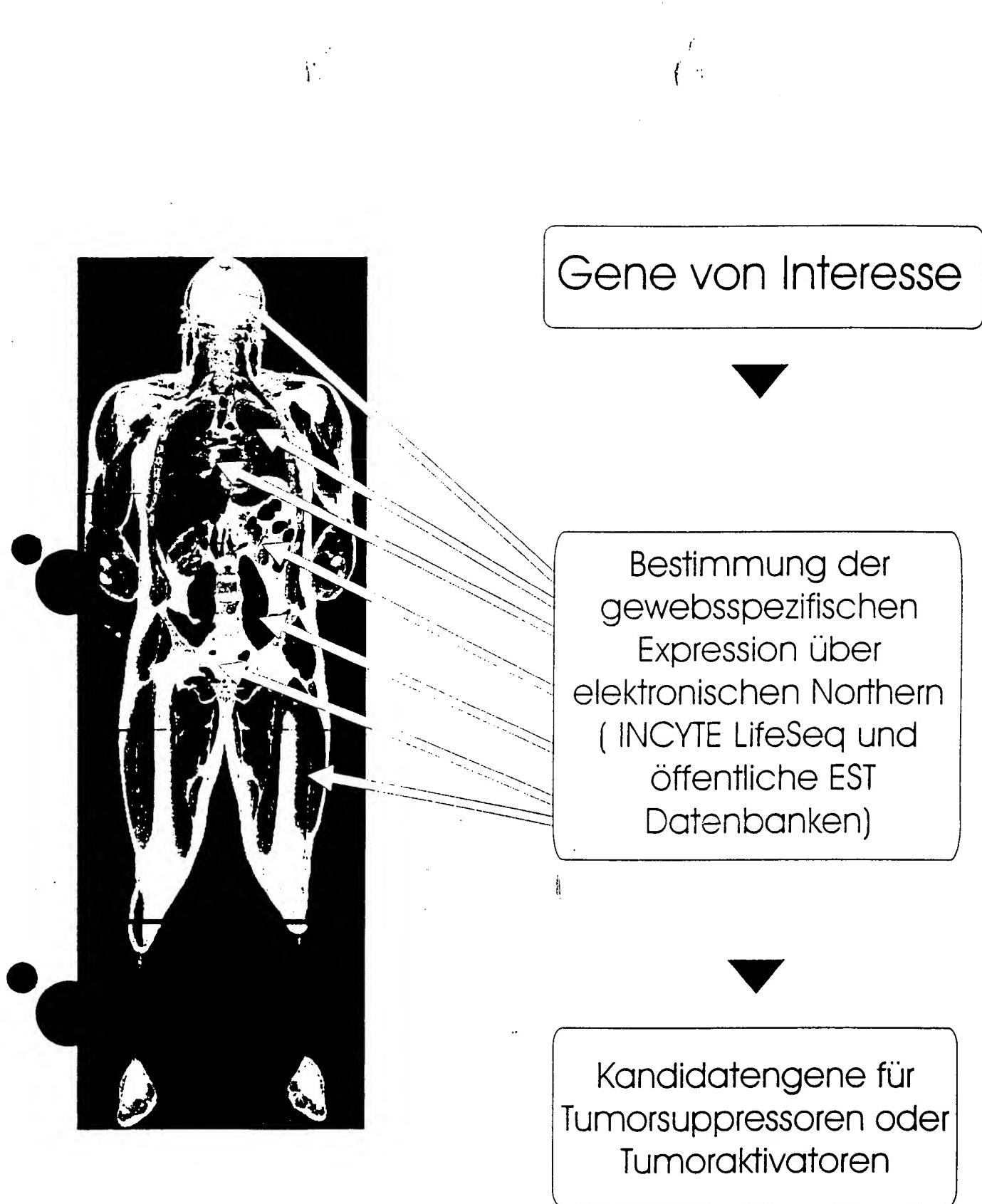


Fig. 3



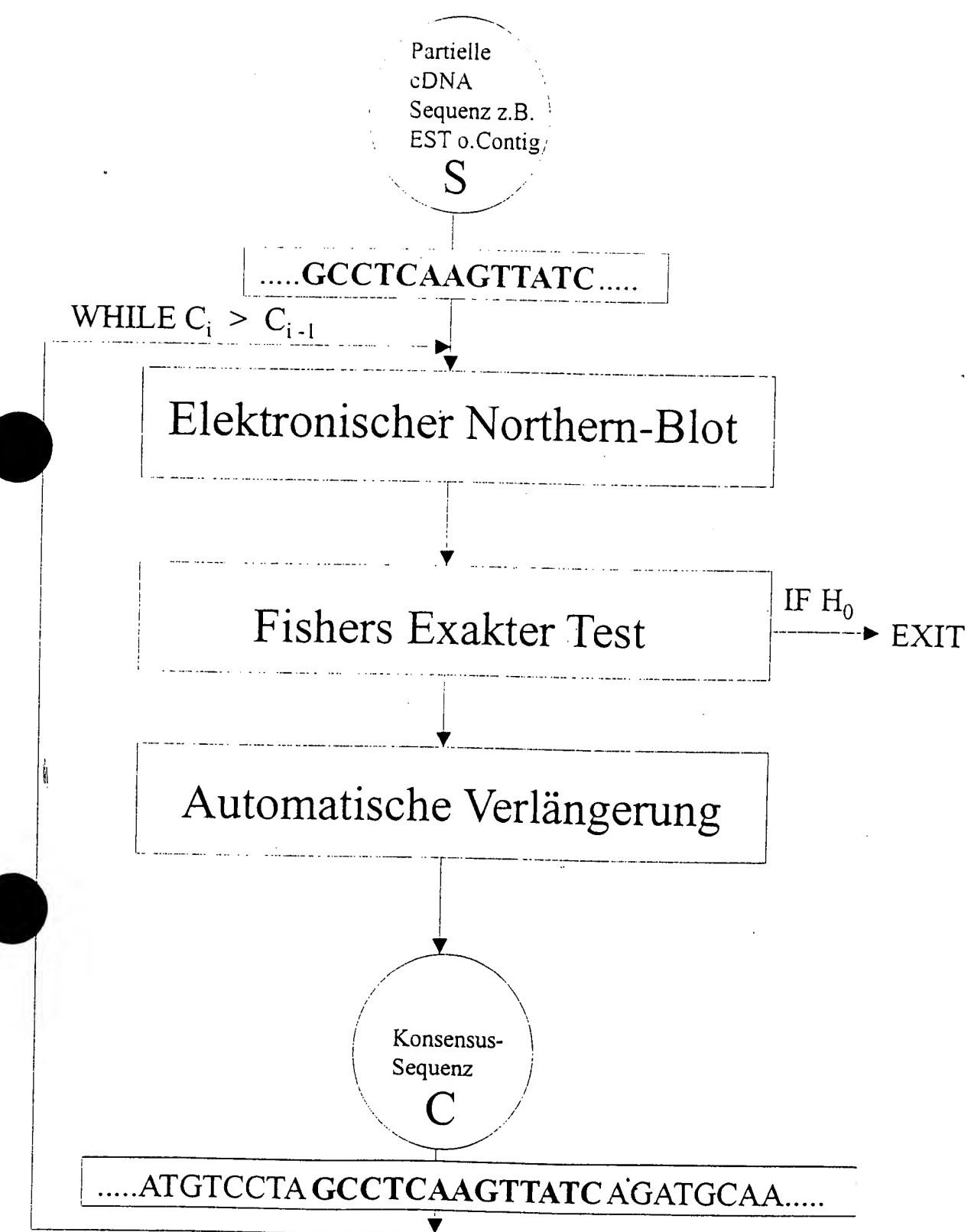


Fig. 4b

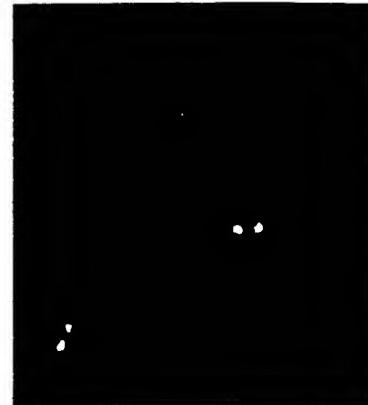
Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



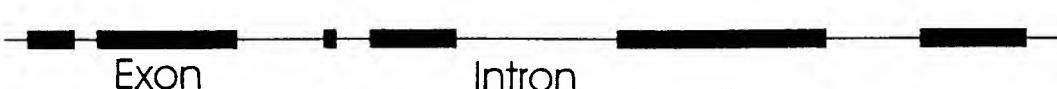
Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben